

สำนักหอสมุดกลาง พระจอมเกล้าลาดกระบัง

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองในเขตภาคใต้ประเทศไทยโดย
วิธีชีวโมเลกุล

GENETIC DIVERSITY OF INDIGENOUS PIGS IN SOUTHERN PART OF
THAILAND USING BIOMOLECULAR APPROACH



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาสัตวศาสตร์

คณะเทคโนโลยีการเกษตร

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ. 2560

KMITL-2017-AG-M-031-255

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

**GENETIC DIVERSITY OF INDIGENOUS PIGS IN SOUTHERN PART OF
THAILAND USING BIOMOLECULAR APPROACH**

The seal of King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang is a circular emblem. It features a central sunburst with rays emanating from a central point. Below the sunburst are two traditional Thai stupas (chedis) flanking a central, more ornate structure. The entire emblem is surrounded by a circular border containing Thai text. The text at the top reads 'สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง' and the text at the bottom reads 'ค.ศ. ๒๕๒๕'.

PORNCHAI DAMSEESUK

**A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT
OF THE REQUIREMENT FOR THE DEGREE OF
MASTER OF SEIENCE IN ANIMAL SCIENCE
FACULTY OF AGRICULTURAL TECHNOLOGY
KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG**

2017

KMITL-2017-AG-M-031-255

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



COPYRIGHT 2017

FACULTY OF AGRICULTURAL TECHNOLOGY

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Thesis Title	Genetic Diversity of Indigenous Pigs in Southern Part of Thailand Using Biomolecular Approach
Student	Mr.Pornchai Damseesuk
Student ID	57604049
Degree	Animal Science
Program	Master of Science
Year	2017
Thesis Advisor	Assoc. Prof. Dr. Ronachai Sitthigripong
Thesis Co-Advisor	Assoc. Prof. Dr. Kunya Tuntivisoottikul

ABSTRACT

This research was aimed to study the genetic diversity of the indigenous pigs in the Southern part of Thailand using biomolecular techniques, which were microsatellite technique for genetic diversity study and mitochondrial DNA technique for evolution study. Seventy-six indigenous pig blood samples were collected from Suratthani, Nakhonsithammarat, Krabi, Trang, Phang-Nga and Pattani Provinces. DNA was extracted and was separated into 2 parts for amplify with PCR technique. One was amplified with 15 microsatellite loci primers, while the other was amplified with primer for D-loop of mitochondrial DNA. Size of DNA product (allele) was detected by capillary acrylamide gel electrophoresis, meanwhile nucleotide sequence was determined by DNA sequencer, for microsatellite and mitochondrial DNA techniques, respectively. Genetic diversity of microsatellite data was analyzed by POPGENE v.1.32. Evolution relationship of nucleotide sequences from D-loop of mitochondrial DNA was identified by BioEdit V.7.0 and MEGA V.7.0. Results showed that the microsatellite loci were varied from 4 to 13 alleles with the average of 9.13 alleles per locus. The observed heterozygosity values were ranged from 0.6000 to 0.7333, and the expected heterozygosity values were varied from 0.6280 to 0.7744. The genetic distances between populations were ranged between 0.1978 and 0.7095. The pigs from Nakhonsithammarat were closely related to those from Krabi and Trang. While the pigs from Pattani was distant related to other populations. Evolution relationship of nucleotide sequences from D-loop of mitochondrial DNA results found that, the genetic distances between the Southern part of Thailand pigs and Chinese indigenous pigs, Asian wild boars, and commercial breed pigs were ranged from 0.0043 to 0.0372, 0.0074 to 0.0371, and 0.0193 to

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

0.0498, respectively. The phylogenetic tree showed that the Southern indigenous pigs were divided into 2 groups. The first group was developed from wild pigs, indigenous pig breeds from China, Korea and Japan. The second group was closely to indigenous pigs from China (Meishan breed), and Thai wild pigs.



กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จได้อย่างดี โดยได้รับความกรุณาจาก รศ.ดร.รณชัย สิทธิไกรพงษ์ ซึ่งเป็นอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ และ รศ.ดร.กันยา ตันตวิสุทธิกุล อาจารย์ที่ปรึกษาร่วมวิทยานิพนธ์ และ ผศ.ดร.กัญญา จิระเจริญรัตน์ ที่กรุณาให้ความรู้และคำแนะนำที่เป็นประโยชน์ในการทำวิทยานิพนธ์มาโดยตลอด ข้าพเจ้ารู้สึกซาบซึ้งในความอนุเคราะห์จากท่านอาจารย์ทั้งสามท่าน และกราบขอบพระคุณเป็นอย่างสูง

ขอกราบขอบพระคุณคณาจารย์จากสาขาวิชาสัตวศาสตร์ ภาควิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ และประมง คณะเทคโนโลยีการเกษตร สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ทุกท่านที่ได้ประสิทธิ์ประสาทวิชาแก่ข้าพเจ้า

ขอกราบขอบพระคุณ ผศ.ดร.กนกรัตน์ ศรีกิจเกษมวัฒน์ ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ และ ผศ.ดร.ปรีดา เลิศวัชรสารกุล กรรมการสอบวิทยานิพนธ์ (ผู้ทรงคุณวุฒิภายนอก) ที่ได้กรุณาสละเวลา ตรวจสอบ ให้คำแนะนำและข้อเสนอแนะที่ดีเพื่อให้วิทยานิพนธ์ฉบับนี้ถูกต้องและสมบูรณ์ยิ่งขึ้น

ขอกราบขอบพระคุณ คุณกมล ฉวีวรรณ ผู้อำนวยการศูนย์วิจัยและพัฒนาสุกร คุณนงนิจิรัตน์มหาวิชัย และเจ้าหน้าที่ศูนย์วิจัยและพัฒนาสุกร กรมปศุสัตว์ จ.นครราชสีมาทุกท่าน ที่ได้สนับสนุนตัวอย่างสำหรับการศึกษาวิจัยในครั้งนี้ ตลอดจนคอยให้คำปรึกษาแนะนำและเอื้อเฟื้อที่พักอาศัยระหว่างการวิจัย จนการวิจัยในครั้งนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

ขอกราบขอบพระคุณกรมปศุสัตว์และคณะเทคโนโลยีการเกษตร สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ที่ได้สนับสนุนทุนสำหรับการวิจัยในครั้งนี้

สุดท้ายนี้ขอกราบขอบพระคุณอย่างยิ่งสำหรับคุณพ่อพินและคุณแม่สมจิตร คำสีสุข ที่ให้การสนับสนุนเป็นกำลังใจในการศึกษาและการทำงานวิทยานิพนธ์ตลอดมา ประโยชน์และคุณค่าของวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ข้าพเจ้าขอบแต่ผู้ที่มีพระคุณทุกท่านตลอดจนผู้ที่สามารถนำไปใช้เพื่อให้เกิดประโยชน์ได้ต่อไป

พรชัย คำสีสุข

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	I
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	III
กิตติกรรมประกาศ.....	V
สารบัญ.....	VI
สารบัญตาราง.....	IX
สารบัญภาพ.....	XI
บทที่ 1 บทนำ.....	1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา.....	2
1.3 สถานที่ดำเนินการ.....	2
1.4 ขั้นตอนการศึกษา.....	2
1.5 ระยะเวลาในการศึกษา.....	3
1.6 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	3
บทที่ 2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	4
2.1 การจำแนกสุกรทางสัตววิทยา (classification).....	4
2.2 พันธุ์สุกรพื้นเมืองไทยและลักษณะการเลี้ยง.....	5
2.2.1 สุกรพันธุ์ไหหลำ (Hainan).....	6
2.2.2 สุกรพันธุ์ราด (Rad).....	6
2.2.3 สุกรพันธุ์พวง (Puang).....	7
2.2.4 สุกรพันธุ์ควาย (Kwai).....	7
2.3 ลักษณะจีโนมของสุกร.....	8
2.4 เครื่องหมายโมเลกุลกับการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม.....	9
2.4.1 เครื่องหมายโปรตีน (protein marker).....	10
2.4.2 เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker).....	10
2.5 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกร.....	16
2.5.1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรจากข้อมูลไมโครแซเทลไลท์.....	16

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

2.5.2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรจากข้อมูลไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ...	18
2.6 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	21
2.6.1 งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกร พื้นเมืองจากข้อมูลไมโครแซทเทลไลท์.....	21
2.6.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกร พื้นเมืองจากข้อมูลไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ.....	25
บทที่ 3 วิธีดำเนินการวิจัย.....	30
3.1 ตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษา.....	30
3.2 อุปกรณ์และสารเคมี.....	30
3.2.1 อุปกรณ์.....	30
3.2.2 สารเคมี.....	31
3.3 วิธีการ.....	32
3.3.1 การเก็บตัวอย่างเลือดสุกร.....	32
3.3.2 การสกัดดีเอ็นเอจากเลือดสุกร.....	32
3.3.3 การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยไมโครแซทเทลไลท์.....	33
3.3.4 การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ.....	41
บทที่ 4 ผลการทดลองและวิจารณ์.....	44
4.1 ผลการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยไมโครแซทเทลไลท์.....	44
4.1.1 การตรวจสอบแถบไมโครแซทเทลไลท์.....	43
4.1.2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร.....	44
4.1.3 ความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากร.....	50
4.1.4 แผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (phylogenetic tree).....	52
4.2 ผลการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ.....	53
4.2.1 แถบดีเอ็นเอจากการเพิ่มจำนวนไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop.....	53
4.2.2 การเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับเบสของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop.....	54

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไมอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
4.2.3 ระยะห่างทางพันธุกรรม (Genetic distance).....	54
4.2.4 ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรเมืองในเอเชียและยุโรป.....	62
บทที่ 5 สรุปและข้อเสนอแนะ.....	65
5.1 สรุปผล.....	65
5.1.1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยไมโครแซทเทลไลท์.....	65
5.1.2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ.....	66
5.2 ข้อเสนอแนะ.....	66
บรรณานุกรม.....	67
ภาคผนวก	
ภาคผนวก ก ตัวอย่างสุกรพื้นเมืองที่ใช้ในการศึกษา.....	74
ภาคผนวก ข การเตรียมสารเคมี.....	79
ภาคผนวก ค ความถี่ของอัลลีล จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีแต่ละโลคัส.....	83
ภาคผนวก ง กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์.....	95
ภาคผนวก จ ค่าความเหมือนของลำดับเบสของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ.....	101
ประวัติผู้เขียน.....	116

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1 เปรียบเทียบความแตกต่างระหว่าง <i>Sus scrofa</i> และ <i>Sus indicus</i>	5
2.2 เปรียบเทียบเทคนิคของเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบต่างๆ.....	15
2.3 ตำแหน่งของยีนต่างๆและ control region ของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอของสุกร.....	19
3.1 ไพรมอร์ที่ใช้ในการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์.....	34
3.2 แสดงส่วนประกอบของปฏิกิริยาลูกโซ่พีซีอาร์ในไมโครแซทเทลไลท์.....	35
3.3 ส่วนประกอบสำหรับการตรวจสอบแถบดีเอ็นเอ.....	37
3.4 ตัวอย่างการแปลงข้อมูลจากกราฟที่เกิดขึ้นที่โลคัสที่ 1 เป็นข้อมูลจีโนไทป์.....	33
3.5 ตัวอย่างการแปลงข้อมูลจากกราฟที่เกิดขึ้นที่โลคัสที่ 2 เป็นข้อมูลจีโนไทป์.....	39
3.6 ตัวอย่างการแปลงข้อมูลจากกราฟที่เกิดขึ้นที่โลคัสที่ 3 เป็นข้อมูลจีโนไทป์.....	39
3.7 แสดงส่วนประกอบของปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรสในไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ.....	41
4.1 จำนวนอัลลีลในแต่ละโลคัส ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกต ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎี ค่า Fis และค่า p-value.....	46
4.2 จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัส เปอร์เซ็นต์โพลิมอร์ฟิก โลไซ ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยและค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ย.....	48
4.3 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยและที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยและค่า Fis ของสุกรพื้นเมืองจากประเทศต่างๆและประเทศไทย.....	50
4.4 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมและค่าความเหมือนทางพันธุกรรม.....	51
4.5 ระยะทางของความห่างระหว่างประชากรสุกรพื้นเมืองภาคใต้.....	53

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางผนวกที่	หน้า
ตารางผนวกที่ ก.1 ที่มาของสุกรพื้นเมืองภาคใต้.....	76
ตารางผนวกที่ ข.1 ส่วนประกอบของ guanididine solution.....	80
ตารางผนวกที่ ข.2 ส่วนประกอบของ binding buffer.....	80
ตารางผนวกที่ ข.3 ส่วนประกอบของ propanol.....	81
ตารางผนวกที่ ข.4 ส่วนประกอบของ TE buffer.....	81
ตารางผนวกที่ ข.5 ส่วนประกอบของ 5X TBE buffer.....	81
ตารางผนวกที่ ข.6 ส่วนประกอบของ 1X TBE buffer.....	82
ตารางผนวกที่ ค.1 ความถี่ของอัลลีลในแต่ละ लोक์สของสุกรพื้นเมืองภาคใต้.....	84
ตารางผนวกที่ ค.2 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีในแต่ละ लोक์สของสุกรพื้นเมือง จังหวัดสุราษฎร์ธานี.....	90
ตารางผนวกที่ ค.3 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีในแต่ละ लोक์สของสุกรพื้นเมืองจังหวัด นครศรีธรรมราช.....	91
ตารางผนวกที่ ค.4 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีในแต่ละ लोक์สของสุกรพื้นเมืองจังหวัด พังงา.....	92
ตารางผนวกที่ ค.5 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีในแต่ละ लोक์สของสุกรพื้นเมืองจังหวัด กระบี่และตรัง.....	93
ตารางผนวกที่ ค.6 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีในแต่ละ लोक์สของสุกรพื้นเมืองจังหวัด ปัตตานี.....	94

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
2.1 ลักษณะทางกายภาพของสุกรพันธุ์ไหหลำ.....	6
2.2 ลักษณะทางกายภาพของสุกรพันธุ์ราด.....	6
2.3 ลักษณะทางกายภาพของสุกรพันธุ์พวง.....	7
2.4 ลักษณะทางกายภาพของสุกรพันธุ์ควาย.....	7
2.5 แผนภูมิรายละเอียดของจีโนมในสายดีเอ็นเอของสุกร.....	9
2.6 เทคนิคอาร์เอฟแอลพี.....	11
2.7 การตรวจโพลีมอร์ฟิซึมจากผลผลิตพีซีอาร์โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ.....	12
2.8 เทคนิคเอฟแอลพีโดยใช้ไพรเมอร์หนึ่งคู่.....	14
2.9 การตรวจสอบไมโครแซทเทลไลต์ดีเอ็นเอด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พีซีอาร์.....	16
2.10 ผลที่ได้จากการแยกขนาดดีเอ็นเอด้วยอะกาโรสเจล.....	17
2.11 โครงสร้างจีโนมในไมโทคอนเดรียของสุกรและตำแหน่งของยีนต่างๆ.....	18
2.12 เปรียบเทียบลำดับเบสระหว่างสุกรลูกผสมและสุกรป่า <i>Sus scrofa scrofa</i>	26
3.1 เครื่อง Automated genetic analysis system ยี่ห้อ Beckman Coulter รุ่น CEQ 8000.....	36
3.2 กราฟที่เกิดจากสุกรหมายเลข 1 กับไพรเมอร์ S0228.....	37
3.3 กราฟที่เกิดจากสุกรหมายเลข 2 กับไพรเมอร์ S0228.....	38
3.4 กราฟที่เกิดจากสุกรหมายเลข 3 กับไพรเมอร์ S0228.....	38
4.1 แผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างสุกรพื้นเมืองภาคใต้.....	52
4.2 ผลผลิตพีซีอาร์ของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอบริเวณ D-loop.....	54
4.3 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรแถบเอเชียและยุโรป.....	56
4.4 แผนภาพความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรแถบเอเชียและยุโรป.....	63

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพผนวกที่	หน้า
ภาพผนวกที่ ก.1 สุกรพื้นเมืองภาคใต้.....	75
ภาพผนวกที่ ง.1 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัสS0090.....	96
ภาพผนวกที่ ง.2 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส IGF1.....	96
ภาพผนวกที่ ง.3 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0026.....	96
ภาพผนวกที่ ง.4 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0226.....	97
ภาพผนวกที่ ง.5 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0155.....	97
ภาพผนวกที่ ง.6 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0178.....	97
ภาพผนวกที่ ง.7 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0228.....	98
ภาพผนวกที่ ง.8 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0218.....	98
ภาพผนวกที่ ง.9 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส SW2008.....	98
ภาพผนวกที่ ง.10 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0143 และ SW632.....	99
ภาพผนวกที่ ง.11 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส SW936.....	99
ภาพผนวกที่ ง.12 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส SW2406.....	100
ภาพผนวกที่ ง.13 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส SW857.....	100
ภาพผนวกที่ ง.14 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส SW240.....	100

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

สุกรพื้นเมืองไทยจัดอยู่ในตระกูล *Sus indicus* หรือกลุ่มสุกรอินเดีย เป็นสุกรที่มีขนาดเล็กถึงขนาดกลาง มีความสามารถโดดเด่นในการใช้อาหารหยาบที่มีคุณภาพต่ำได้ดี เนื่องจากสามารถกินอาหารได้หลายชนิด ทั้งเศษอาหาร หญ้า และพืชผลทางการเกษตร ในพื้นที่ที่มีความหนาแน่นต่อสภาพอากาศและความเครียดที่เกิดขึ้นเนื่องจากความร้อน มีความสามารถในการต้านทานโรคและแมลง ในเขตร้อนได้ดี ขยายพันธุ์ได้อย่างรวดเร็ว เลี้ยงลูกเก่งและให้ลูกดก (รณชัย สิทธิไกรพงษ์, 2540; กมล จวีร์วรรณ, 2556) และที่สำคัญยังใช้เป็นแหล่งอาหารโปรตีนแก่สังคมชนบทในพื้นที่ห่างไกล เนื่องจากเนื้อสุกรพื้นเมืองมีคุณค่าทางโภชนาการสูง รสชาติดี มีความเป็นเอกลักษณ์ นิยมนำมาปรุงเป็นอาหารเมนูพิเศษสำหรับการบริโภค นอกจากนี้สุกรพื้นเมืองยังเป็นส่วนหนึ่งของวิถีชีวิตในสังคมชนบทหลายพื้นที่ ในรูปแบบเฉพาะท้องถิ่น เช่น สำหรับการประกอบพิธีกรรมทางศาสนา ความเชื่อ เป็นต้น (พงษ์ชาญ ณ ลำปาง, 2528)

ในปี พ.ศ. 2492 ประเทศไทยได้นำสุกรพันธุ์ต่างประเทศเข้ามาเลี้ยง พบว่าสุกรหลายพันธุ์มีความสามารถในการปรับสภาพร่างกายได้เป็นอย่างดี ให้ผลผลิตดี โตเร็ว คุณภาพซากดี เป็นที่ต้องการของตลาด (จรัญ จันทลักขณา, 2540) ทำให้สุกรพื้นเมืองได้เสื่อมความนิยมลงไปมาก เนื่องจากมีสมรรถภาพการผลิตต่ำไม่เหมาะกับการเลี้ยงแบบสมัยใหม่ อีกทั้งยังเกิดการผสมข้ามสายพันธุ์ระหว่างสุกรพื้นบ้านและสุกรจากต่างประเทศ ส่งผลให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองเปลี่ยนแปลงไป ทำให้ไม่สามารถแยกความแตกต่างระหว่างพันธุ์หรือชนิดของสุกรพื้นเมืองได้ (Falvey, 1981) สุกรพื้นเมืองทางภาคใต้ก็เป็นอีกหนึ่งพันธุ์ที่กำลังประสบปัญหาดังกล่าว จึงคงเหลืออยู่เฉพาะในสวนสัตว์และแถบพื้นที่ชนบทห่างไกลเท่านั้น ซึ่งถือได้ว่ามีโอกาสเสี่ยงต่อการสูญพันธุ์ (รณชัย สิทธิไกรพงษ์, 2540)

จากการที่สุกรพื้นเมืองจัดเป็นแหล่งพันธุกรรมที่มีความสำคัญ แต่ยังไม่ได้รับการศึกษาหรือนำไปใช้ประโยชน์อย่างจริงจัง ตลอดจนเพื่อการดำรงรักษาไว้ซึ่งความหลากหลายทางพันธุกรรม ซึ่งอาจจะเป็นพันธุกรรมที่ทรงคุณค่าและนำมาใช้ประโยชน์ในการผลิตปศุสัตว์ โดยเฉพาะในอุตสาหกรรมการผลิตสุกรในอนาคตจึงจำเป็นต้องเก็บรักษาพันธุกรรมเหล่านี้ไว้ (กมล จวีร์วรรณ และคณะ, 2556) โดยในปัจจุบันการประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมกระทำได้หลายวิธี เช่น การประเมินชนิดของโปรตีนในเลือด การตรวจสอบจากดีเอ็นเอ และการพิจารณาจากรูปร่างภายนอก แต่ละวิธีมีข้อดีข้อด้อยแตกต่างกัน การตรวจสอบโดยวิธีดีเอ็นเอให้ความแม่นยำสูง และมีเอกสารที่พัฒนาไปอย่างรวดเร็ว (วุฒิพงษ์ อินทร์ธรรม และคณะ, 2544) ในการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้ได้กำหนดวิธีที่ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม โดยใช้ข้อมูลทางด้านลักษณะทางพันธุกรรมที่ได้มาจากเทคนิคเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 15 มาร์คเกอร์ รวมทั้งการตรวจสอบข้อมูลลำดับเบสที่บริเวณ D-loop ของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ ซึ่งเป็นเทคนิคที่ประสิทธิภาพสูงและถูกใช้กันอย่างแพร่หลายในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต (ทักษิณี ตรีรัตน์อภิวัน. 2547) เช่นสัตว์พื้นเมืองในหลายประเทศ ข้อมูลทางพันธุกรรมที่ได้จะช่วยให้การประเมินความหลากหลายและการศึกษาจำแนกกลุ่มพันธุ์มีความถูกต้องมากยิ่งขึ้น (กัญญา จิระเจริญรัตน์และกันยา ตันติวิสุทธิกุล. 2551) ซึ่งจะเป็นประโยชน์ต่อการอนุรักษ์พันธุ์สัตว์พื้นเมืองให้แก่หน่วยงานภาครัฐหรือโครงการพัฒนาสัตว์พื้นเมืองต่อไปในอนาคต

1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา

- 1) เพื่อศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรและระหว่างประชากรของสุกรพื้นเมืองภาคใต้โดยไมโครแซทเทลไลท์
- 2) เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสุกรพื้นเมืองภาคใต้โดยใช้ไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ

1.3 สถานที่ดำเนินการ

- 1) พื้นที่จังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช พังงา กระบี่ ตรังและปัตตานี
- 2) ห้องปฏิบัติการอนุพันธุศาสตร์ ศูนย์วิจัยและบำรุงพันธุ์สัตว์ กรมปศุสัตว์ อ.ปากช่อง จ.นครราชสีมา
- 3) ศูนย์ทดสอบชีววัตถุภัณฑ์สำหรับสัตว์ อ.ปากช่อง จ.นครราชสีมา

1.4 ขั้นตอนการศึกษา

- 1) วางแผนการศึกษาและสำรวจพื้นที่
- 2) เก็บตัวอย่างเลือดสุกร
- 3) สกัดดีเอ็นเอจากเลือดสุกร
- 4) เพิ่มปริมาณ ไมโครแซทเทลไลท์และไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ
- 5) ตรวจสอบและวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอ
- 6) วิเคราะห์ข้อมูลและสรุปผลการทดลอง

1.5 ระยะเวลาในการศึกษา

- 1) เก็บตัวอย่างและทำการวิจัยในห้องปฏิบัติการจากเดือนมีนาคม พ.ศ. 2560 ถึงเดือน-พฤษภาคม พ.ศ. 2560
- 2) วิเคราะห์ข้อมูลและสรุปผลจากเดือนมิถุนายน พ.ศ. 2560 ถึงเดือนกรกฎาคม พ.ศ. 2560

1.6 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

- 1) ทำให้ทราบความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้
- 2) แแผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการช่วยให้ทราบความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้และสุกรสายพันธุ์อื่นๆ
- 3) ช่วยในการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์สุกรในอนาคตอย่างมีประสิทธิภาพ



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 การจำแนกสักรทางสัตววิทยา (Classification)

สุกรเป็นสัตว์ที่มีประโยชน์ต่อมนุษย์มาตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบัน ในสมัยโบราณมีเฉพาะสุกรป่า มนุษย์ใช้ประโยชน์จากสุกรเหล่านี้โดยการล่าเพื่อเอาเนื้อหรือไขมันมาใช้เป็นอาหารและการล่าสุกรป่าเพื่อเกมกีฬา ต่อมามนุษย์ได้นำสุกรป่ามาเลี้ยงและทำการปรับปรุงพันธุ์ให้ดีขึ้น จนในที่สุด กลายเป็นสุกรบ้าน (*Sus domesticus*) โดยสุกรที่มนุษย์เลี้ยงกันอยู่ในปัจจุบันมีจำนวนไม่น้อยกว่า 225 สายพันธุ์ การจำแนกสักรตามหลักสัตววิทยามีดังนี้ (Max and Anatoly. 2010; รณชัย สิทธิไกรพงษ์. 2540; Pond and Mersmann. 2001)

Kingdom Animalia

Phylum Chordata

Subphylum Vertebrata

Class Mammalia

Family Suidae (pigs)

Genus *Sus*

S. batatus (Malaya, Sumatra, Borneo)

S. celebenis (Sulawesi)

S. crytatus (India)

S. salvanius (Southeast Nepal, Assam)

S. scrofa (Domestic pig)

S. verucosus (Java, Philippines)

S. vittatus (Malay Archipelago)

Genus *Babirussa* (East Indonesia)

Genus *Hylochoerus* (Central America)

Genus *Phacochoerus* (Africa)

Genus *Potomochoerus* (Africa, Madagascar)

การปรับปรุงพันธุ์สุกรจากสุกรป่าจนกลายเป็นสุกรที่เลี้ยงกันอยู่ในปัจจุบันนั้น เริ่มต้นกันอย่างจริงจังในศตวรรษที่ 17 ทั้งในทวีปยุโรป อเมริกา (*Sus scrofa*) และเอเชีย (*Sus indicus*) (รณชัย สิทธิไกรพงษ์. 2540) โดยสุกรบ้านที่เลี้ยงอยู่ในปัจจุบัน (domestic pig) สืบทอดเชื้อสายมาจากสุกรป่าเอแอส (wild pig) ในยุโรปสุกรป่าจัดอยู่ใน *Sus scrofa* ซึ่งเป็นสุกรที่มีความสำเร็จในการปรับปรุงพันธุ์มากกว่าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 การจำแนกสักรทางสัตววิทยา (Classification)

สุกรเป็นสัตว์ที่มีประโยชน์ต่อมนุษย์มาตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบัน ในสมัยโบราณมีเฉพาะสุกรป่า มนุษย์ใช้ประโยชน์จากสุกรเหล่านี้โดยการล่าเพื่อเอาเนื้อหรือไขมันมาใช้เป็นอาหารและการล่าสุกรป่าเพื่อเกมกีฬา ต่อมามนุษย์ได้นำสุกรป่ามาเลี้ยงและทำการปรับปรุงพันธุ์ให้ดีขึ้น จนในที่สุดกลายเป็นสุกรบ้าน (*Sus domesticus*) โดยสุกรที่มนุษย์เลี้ยงกันอยู่ในปัจจุบันมีจำนวนไม่น้อยกว่า 225 สายพันธุ์ การจำแนกสักรตามหลักสัตววิทยามีดังนี้ (Max and Anatoly. 2010; รณชัย สิทธิไกรพงษ์. 2540; Pond and Mersmann. 2001)

Kingdom Animalia

Phylum Chordata

Subphylum Vertebrata

Class Mammalia

Family Suidae (pigs)

Genus *Sus*

S. batatus (Malaya, Sumatra, Borneo)

S. celebenis (Sulawesi)

S. crytatus (India)

S. salvanius (Southeast Nepal, Assam)

S. scrofa (Domestic pig)

S. verucosus (Java, Philippines)

S. vittatus (Malay Archipelago)

Genus *Babirusa* (East Indonesia)

Genus *Hylochoerus* (Central America)

Genus *Phacochoerus* (Africa)

Genus *Potomochoerus* (Africa, Madagascar)

การปรับปรุงพันธุ์สุกรจากสุกรป่าจนกลายเป็นสุกรที่เลี้ยงกันอยู่ในปัจจุบันนั้น เริ่มต้นกันอย่างจริงจังในศตวรรษที่ 17 ทั้งในทวีปยุโรป อเมริกา (*Sus scrofa*) และเอเชีย (*Sus indicus*) (รณชัย สิทธิไกรพงษ์. 2540) โดยสุกรบ้านที่เลี้ยงอยู่ในปัจจุบัน (domestic pig) สืบทอดเชื้อสายมาจากสุกรป่าเอแอสาร์ (wild pig) ในยุโรปสุกรป่าจัดอยู่ใน *Sus scrofa* ซึ่งเป็นสุกรที่มีความสำเร็จในการปรับปรุงพันธุ์มากกว่าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ที่สุดและกระจายไปทั่วโลก และสุกรป่าทางเอเชียตะวันออกเฉียง จัดอยู่ในกลุ่ม *Sus vittatus* ซึ่งเป็นบรรพบุรุษของ *Sus cristatus* โดยเป็นสุกรที่พบมากในประเทศมาเลเซีย (วันดี ทาตระกูล. 2546) ความแตกต่างระหว่างสุกรในตระกูล *Sus scrofa* และ *Sus indicus* ดังแสดงในตารางที่ 2.1

ตารางที่ 2.1 เปรียบเทียบความแตกต่างระหว่าง *Sus scrofa* และ *Sus indicus*

<i>Sus scrofa</i>	<i>Sus indicus</i>
- แข็งแรง ว่องไว ทนทาน คุร้าย	- เลี้ยงง่าย ไม่คุร้าย
- หัวยาวใหญ่ จมูกยาว ขาวยาว	- ไหล่และสะโพกแคบ
- ไหล่ใหญ่ สะโพกและเอวเล็ก	- ตัวเล็ก กระดูกเล็ก
- มีสีน้ำตาลหม่น หรือเทาปนแดง มีลายดำ เมื่อยังเล็กมีสีอ่อน มีลายเสือ	- ไขมันมาก
- ไขมันน้อย	- เจริญเติบโตเป็นหนุ่มเป็นสาวเร็ว
- เจริญเติบโตเป็นหนุ่มเป็นสาวช้า	

ที่มา : รณชัย สิริทริโกรพงษ์ (2540)

2.2 พันธุ์สุกรพื้นเมืองไทยและลักษณะการเลี้ยง

สุกรพื้นเมืองไทยเป็นสัตว์เลี้ยงลูกด้วยน้ำนมที่อยู่ในกลุ่ม *Sus indicus* ลักษณะทั่วไปของสุกรพื้นเมืองไทยคือ ลำตัวสั้น หัวค่อนข้างใหญ่ ไหล่และสะโพกแคบ หลังแอ่นท้องยาน ขาและข้อขาอ่อน ตัวเล็ก ขนาดโตเต็มที่น้ำหนักประมาณ 80 กิโลกรัม ส่วนใหญ่สีดำ บางพันธุ์อาจมีพื้นที่ทองสีขาว เจริญเติบโตช้า อัตราการเจริญเติบโตประมาณ 180-350 กรัมต่อวัน อัตราการเปลี่ยนอาหารประมาณ 5-7 มีเนื้อแดงน้อย ไขมันมาก ข้อดีของสุกรพื้นเมืองคือ ทนทานต่อสภาพดินฟ้าอากาศ และทนต่อการตรากตรำได้เป็นอย่างดี ให้ลูกคอก เลี้ยงลูกเก่ง และทนทานต่อการกักขัง สุกรพื้นเมืองไทยมีหลายพันธุ์ สามารถแบ่งได้เป็น 4 พันธุ์ ดังนี้ (กรมปศุสัตว์. 2559; รณชัย สิริทริโกรพงษ์. 2540; Rattanaronchart. 1994)

2.2.1 สุกรพันธุ์ไหหลำ (Hainan) เป็นสุกรที่นำมาจากตอนใต้ของประเทศจีน เป็นเวลานานจนยอมรับว่าเป็นสุกรพื้นเมืองพันธุ์หนึ่งของประเทศไทย พบมากทางภาคใต้และภาคกลาง ลักษณะทั่วไป ลำตัวสีดำ ท้องขาว มักมีสีดำแซมบริเวณหัวไหล่และบั้นท้าย หัวไม่โตจนเกินไป จมูกยาวแอนขึ้นเล็กน้อย คางย้อย ไหล่กว้าง ลำตัวยาวปานกลาง หลังแอ่น สะโพกเล็ก ขาและข้อขาอ่อน มีอัตราการเจริญเติบโตได้ดีกว่าพันธุ์พื้นเมืองพันธุ์อื่นๆ ขนาดโตเต็มที่ตัวผู้มีน้ำหนัก 115-140 กิโลกรัม

ตัวเมียมีน้ำหนัก 90-115 กิโลกรัม อัตราการเจริญเติบโตวันละ 236 กรัมและมีประสิทธิภาพการสืบพันธุ์ที่ดีมาก ดังภาพที่ 2.1



ภาพที่ 2.1 ลักษณะทางกายภาพของสุกรพันธุ์ไหล่ดำ
ที่มา : กรมปศุสัตว์ (2559)

2.2.2 สุกรพันธุ์ราด (Rad) หรือพันธุ์กระโดน (Kadone) เป็นสุกรพื้นเมืองไทยที่มีขนาดเล็กที่สุด เลี้ยงมากในภาคตะวันออกเฉียงเหนือตอนล่าง ลักษณะทั่วไป สีดำ หัวเล็กยาว ลำตัวสั้นและป้อม กระดูกเล็ก ใบหูเล็กตั้งตรง ว่องไว ปราดเปรียว เนื้อแน่น เจริญเติบโตช้า ขนาดโตเต็มที่ตัวผู้มีน้ำหนัก 100-120 กิโลกรัม ตัวเมียมีน้ำหนัก 90-100 กิโลกรัม ดังภาพที่ 2.2



ภาพที่ 2.2 ลักษณะทางกายภาพของสุกรพันธุ์ราด
ที่มา : กรมปศุสัตว์ (2559)

2.2.3 สุกรพันธุ์พวง (Puang) เป็นสุกรที่มีขนาดใหญ่กว่าสุกรพันธุ์ราด พบในภาคตะวันออกเฉียงเหนือตอนบน ลักษณะทั่วไป มีผิวหนังสีดำหยาบหนา ลำตัวเกือบเท่ากับสุกรพันธุ์ไหล่ดำ ไหล่กว้าง สะโพกแคบ หลังแอ่น ขนาดโตเต็มที่ตัวผู้มีน้ำหนัก 90-130 กิโลกรัม ตัวเมียมีน้ำหนัก 90-100 กิโลกรัม สามารถทนต่อสภาพแวดล้อมได้ดี ดังภาพที่ 2.3

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



ภาพที่ 2.3 ลักษณะทางกายภาพของสุกรพันธุ์พวง
ที่มา : กรมปศุสัตว์ (2559)

2.2.4 สุกรพันธุ์ควาย (Kwai) บางครั้งเรียกว่าหมูตาวัว เนื่องจากมีขอบเป็นวงแหวนสีขาวรอบตา จัดเป็นสุกรพื้นเมืองที่มีขนาดใหญ่ที่สุด พบมากทางภาคเหนือ ลักษณะทั่วไป สีสคล้ายสุกรพันธุ์ไพล่า แต่มีขนาดเล็กกว่าเล็กน้อย ลำตัวส่วนใหญ่มีสีดำ จมูกของสุกรพันธุ์ควายชี้ตรงและสั้นกว่า มีรอยย่นบริเวณลำตัวมากกว่าสุกรพันธุ์ไพล่า ใบหูใหญ่ ปากเล็กน้อย ปากเล็ก หัวใหญ่ พุงหย่อน หลังแอ่น สะโพกเล็ก ขาและข้อเท้าอ่อน เจริญเติบโตช้า อ้วนยาก ขนาดโตเต็มที่ตัวผู้มีน้ำหนัก 90-120 กก. และตัวเมียมีน้ำหนัก 85-100 กก. ดังภาพที่ 2.4



ภาพที่ 2.4 ลักษณะทางกายภาพของสุกรพันธุ์ควาย
ที่มา : กรมปศุสัตว์ (2559)

การเลี้ยงสุกรพื้นเมืองในประเทศไทยเป็นการเลี้ยงแบบอาชีพเสริมหรือการเลี้ยงแบบครัวเรือน ไม่ถือเป็นธุรกิจหรืออาชีพหลักเนื่องจากไม่คุ้มกับการลงทุน เว้นแต่จะเลี้ยงไว้ดูเล่นในสวนสัตว์ หรือหน่วยงานราชการเพื่อการศึกษาวิจัยเท่านั้น โดยส่วนใหญ่เป็นการเลี้ยงแบบดั้งเดิมตามหมู่บ้านทั่วไปในชนบทหรือพื้นที่ห่างไกล โดยแบ่งออกเป็นการเลี้ยงเพื่อขายลูก ก็จะเลี้ยงกันครัวเรือนละ 1-2 ตัว ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ไม่กี่ตัวขึ้นอยู่กับราคาลูกสุกร ถ้าราคาดีก็เลี้ยงกันมากและการเลี้ยงเพื่อการขุนจำหน่าย โดยส่วนใหญ่จะเลี้ยงรายละเอียด 1-5 ตัว ใช้อาหารแบบพื้นบ้านคือมีรำข้าวกับปลายข้าวเป็นหลักผสมกับพืชหรือผักในท้องถิ่น นอกจากนั้นก็จะเลี้ยงอาหารตามแต่จะหาได้ในแต่ละท้องที่ เช่นหยวกกล้วย ผักตบชวา ผักบุ้งและวัชพืชต่างๆ (วันดี ทาตระกุล. 2546; สุชีพ รัตสาร. 2520)

2.3 ลักษณะจีโนมของสุกร

สิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดจะมีจำนวนโครโมโซมและดีเอ็นเอที่แตกต่างกันออกไป หรืออาจจะมีจำนวนเท่ากันบ้างในบางกรณี เช่น ไก่กับสุนัข แมวกับสุกรที่มีจำนวนโครโมโซม 78 และ 38 โครโมโซม ตามลำดับ (ตรีทิพย์ รัตนวรชัย. 2552) จำนวนโครโมโซมของสุกรพื้นเมืองมีทั้งหมด 38 โครโมโซม (somatic chromosome) หรือ 19 คู่ มีขนาดประมาณ 2.8×10^9 คู่เบส มีความยาว 1,997 เซนติเมตรแกน (cM) (Cunnigham. 1999) ส่วนโครโมโซมเพศมี 1 คู่เหมือนกับสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมชนิดอื่น คือโครโมโซม XX เป็นเพศเมีย และ XY เป็นเพศผู้ ส่วนในสุกรป่ายุโรปมีเพียง 36 โครโมโซม ในขณะที่สุกรลูกผสมของสุกรพื้นเมืองและสุกรป่ายุโรปมีจำนวนโครโมโซมอยู่ที่กึ่งกลางคือ 37 โครโมโซม (วันดี ทาตระกุล. 2546)

จีโนมของยูแคริโอตประกอบด้วยดีเอ็นเอที่สามารถจัดกลุ่มตามจำนวนซ้ำได้เป็น 3 กลุ่ม กลุ่มที่หนึ่ง คือกลุ่มที่พบเพียงหนึ่งครั้งต่อ 1 จีโนม เรียกว่า single copy sequence หรือ unique sequence ซึ่งดีเอ็นเอส่วนนี้โดยแท้จริงอาจมีมากกว่า 1 ชุดก็ได้ แต่มีจำนวนไม่มากนัก ได้แก่ส่วนของยีน (gene) ทั้งหมด กลุ่มที่ 2 คือ กลุ่มที่มีลำดับเบสไม่จำเพาะหรือส่วนที่มีลำดับเบสซ้ำๆกัน เรียกว่า repetitive DNA หรือ repeated sequence หากดีเอ็นเอมีจำนวนซ้ำกันมากๆและมีความถี่สูง เช่นมีชุดเบสความยาว 6-10 คู่เบส ซ้ำกันอยู่ประมาณ 100,000-1,000,000 ครั้งจะเรียกว่า highly repetitive sequence แต่ถ้าเป็นส่วนที่มีจำนวนซ้ำปานกลางประมาณ 50-100 ครั้ง เรียกว่า moderately repetitive sequence (Max and Anatoly. 2010; ตรีทิพย์ รัตนวรชัย. 2552) โดยปกติทั่วไปจะเป็นดีเอ็นเอที่ไม่ถูกถอดรหัสและแปลข้อความเป็นกรดอะมิโนและโปรตีนชนิดต่างๆ (ทัศนีย์ ตรีรัตน์อภิวัน. 2547) ซึ่งดีเอ็นเอในกลุ่มนี้แบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อยคือกลุ่มที่ลักษณะซ้ำเป็นกลุ่มๆ มีการเรียงตัวของชุดซ้ำแบบหัวต่อหาง เรียกว่า cluster repeat DNA หรือ tandem repeat แบ่งออกเป็น 3 ชนิดย่อยตามขนาดของชุดซ้ำและความยาวดังนี้

1) Satellite DNA เป็นสายดีเอ็นเอที่มีลำดับเบสซ้ำๆกันขนาด 1-6 เบส หรือมากกว่า 100 เบส โดยมีจำนวนซ้ำแต่ละตำแหน่งประมาณ 103-107 ครั้ง satellite โดยทั่วไปไม่ได้ทำหน้าที่เป็นยีน และพบเพียง 1-2 ตำแหน่งต่อโครโมโซมเท่านั้น

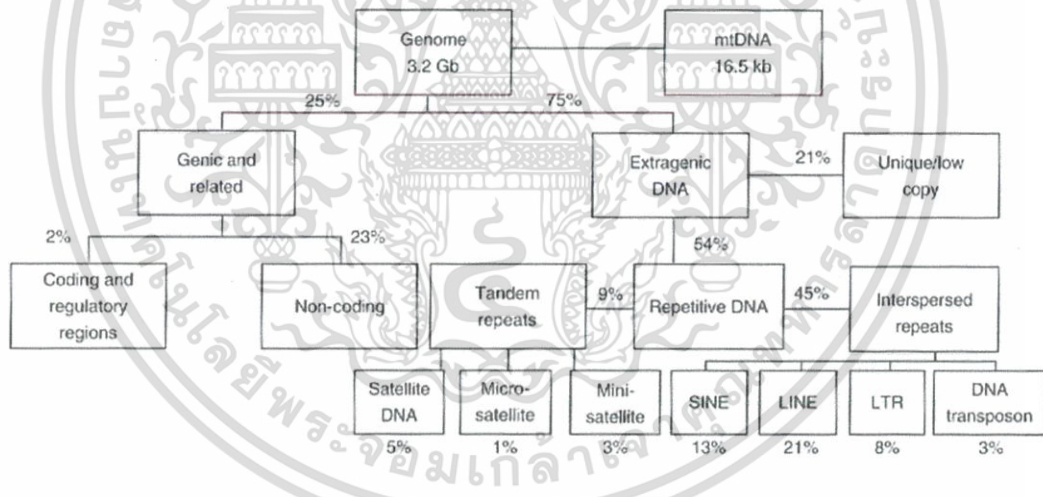
2) Minisatellite DNA เป็นสายดีเอ็นเอที่มีลำดับเบสซ้ำๆกันขนาด 9-100 เบส โดยมีจำนวนซ้ำในแต่ละตำแหน่ง 10 – 1,000 ครั้ง จัดเป็นกลุ่มที่มีการซ้ำของเบสระดับปานกลาง ส่วนมากมีลำดับ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เบสคล้ายคลึงกัน ดีเอ็นเอในบริเวณนี้มีความหลากหลายสูงเนื่องจากความแตกต่างของจำนวนซ้ำ บางครั้งอาจเรียกว่า Variable Number of Tandem Repeat (VNTR)

3) Microsatellite DNA เป็นสายดีเอ็นเอที่มีความผันแปรของความยาวสูง มีลำดับเบสซ้ำๆกัน ขนาด 1-6 เบส โดยมีจำนวนซ้ำในแต่ละตำแหน่งไม่เกิน 100 ครั้ง พบทั่วไปในจีโนมนิยมใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต (วุฒิพงษ์ อินทรธรรม และคณะ. 2544; Koreth. 1996)

หากการซ้ำของลำดับเบสอยู่กระจ่ายออกไปจะเรียกว่า dispersed repeat DNA ซึ่งแบ่งย่อยเป็นการซ้ำของชุดเบสซ้ำๆถี่ๆ เรียกว่า short interspersed (SINEs) มีขนาดซ้ำน้อยกว่า 500 คู่เบส และชุดที่มีการซ้ำของลำดับเบสห่างๆกัน เรียกว่า long interspersed (LINEs) มีขนาดของชุดซ้ำมากกว่า 500 คู่เบส ปัจจุบันนิยมนำดีเอ็นเอบริเวณนี้ไปใช้ประโยชน์ในการพิสูจน์เอกลักษณ์ส่วนบุคคลหรือลักษณะเฉพาะของสิ่งมีชีวิตชนิดต่างๆ เช่นการศึกษาบริเวณ tandem repeat แบบ minisatellite และ microsatellite ที่มีลำดับเบสซ้ำๆกันแต่แตกต่างกันในแต่ละสิ่งมีชีวิตหรือที่เรียกว่า variable number of tandem repeats (VNTR) (ตรีทิพย์ รัตนวรชัย. 2552)



ภาพที่ 2.5 แผนภูมิรายละเอียดของจีโนมในสายดีเอ็นเอของสุกร

ที่มา : William *et al.* (2010)

2.4 เครื่องหมายโมเลกุลกับการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรม

เครื่องหมายทางโมเลกุลหมายถึงลักษณะหรือตัวบ่งชี้ที่มีความจำเพาะเจาะจง สามารถนำมาใช้จำแนกความแตกต่างทางพันธุกรรมและสามารถถ่ายทอดลักษณะนั้นๆ ไปยังรุ่นลูกได้ แบ่งออกเป็น 2 ระดับคือ ระดับโปรตีน เป็นการตรวจสอบที่โมเลกุลของโปรตีนชนิดต่างๆและระดับดีเอ็นเอ เป็นการตรวจสอบความแตกต่างของลำดับนิวคลีโอไทด์ในโมเลกุลของดีเอ็นเอ (สุริพร เอกสาร เกตุงาม. 2546) สวมไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.4.1 เครื่องหมายโปรตีน (protein marker)

การตรวจสอบความหลากหลายของสิ่งมีชีวิตโดยใช้ความแตกต่างของโมเลกุลของโปรตีนที่เป็นองค์ประกอบเพื่อใช้ในการบ่งชี้ความแตกต่างของสายพันธุ์ในสิ่งมีชีวิต นิยมแยกโมเลกุลของโปรตีนด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟเรซิส แล้วจึงย้อมแถบของโปรตีนจำเพาะด้วยสารที่เหมาะสม นอกจากนี้ยังสามารถใช้ในการตรวจสอบรูปแบบของเอนไซม์บางชนิดหรือไอโซไซม์ต่างๆ เครื่องหมายโปรตีนถูกนำมาใช้อย่างแพร่หลาย เนื่องจากค่าใช้จ่ายไม่สูงมากนัก สามารถตรวจสอบได้หลายตำแหน่งและแถบของโปรตีนหรือไอโซไซม์ยังมีการข่มร่วมกันแบบโคโดมิแนนท์ (codominance) จึงสามารถใช้ในการแยกความแตกต่างระหว่างแถบโปรตีนที่เป็นแบบโฮโมไซกัสและเฮเทอโรไซกัสได้ แต่อย่างไรก็ตามเครื่องหมายโปรตีนก็ยังมีข้อจำกัดที่สำคัญคือจำนวนยีนที่ใช้ตรวจสอบยังมีจำนวนไม่มากนักและยีนที่นำมาศึกษาต้องมีการแสดงออกด้วย (gene expression) (สุรินทร์ ปิยะ โขคนากุล, 2552; สุริพร เกตุงาม, 2546)

2.4.2 เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker)

เครื่องหมายดีเอ็นเอหมายถึง ลำดับเบสช่วงหนึ่งของดีเอ็นเอที่ใช้เป็นเครื่องหมายบ่งชี้ความเป็นเอกลักษณ์ของสิ่งมีชีวิต โดยอาจมีตำแหน่งบนโครโมโซมในนิวเคลียส (nuclear DNA) หรือในออร์แกเนลล์เช่น คลอโรพลาสต์ (chloroplast) ไมโทคอนเดรีย (mitochondria) และสามารถถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกได้ การเรียงตัวของนิวคลีโอไทด์ในสายของดีเอ็นเอที่เป็นเอกลักษณ์หรือที่เรียกว่าโพลิมอร์ฟิซึม (polymorphisms) ในแต่ละสิ่งมีชีวิตทำให้สิ่งมีชีวิตมีความแตกต่างกัน (สุริพร เกตุงาม, 2546)

การตรวจสอบระดับดีเอ็นเอมีข้อดีกว่าการตรวจสอบโปรตีน คือ โมเลกุลของดีเอ็นเอมีความเสถียรกว่าจึงเก็บไว้ได้นานกว่า สามารถวิเคราะห์จากตัวอย่างที่ถูกเก็บไว้เป็นเวลายาวนานได้ และเนื่องจากดีเอ็นเอเป็นองค์ประกอบที่มีอยู่ในเซลล์เกือบทุกเซลล์ในปริมาณเท่ากัน จึงสามารถตรวจสอบดีเอ็นเอจากเนื้อเยื่อใดๆ ระยะเวลาเจริญเติบโตหรือสภาพทางสรีรวิทยาใดก็ได้ โดยไม่ขึ้นกับสภาพแวดล้อม ตรวจสอบดีเอ็นเอจากส่วนที่เป็นยีนหรือจากส่วนที่ไม่ใช่ยีนก็ได้ จะมีการแสดงออกหรือไม่ก็ได้ จึงตรวจสอบได้โดยไม่จำกัดครอบคลุมทั้งจีโนม ประกอบกับมีวิธีการตรวจสอบเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบต่างๆ ให้เลือกมากมาย ทำให้การใช้ดีเอ็นเอเป็นเครื่องหมายทำได้อย่างกว้างขวาง ประยุกต์ใช้ในด้านต่างๆ ได้อย่างไม่จำกัด (สุรินทร์ ปิยะ โขคนากุล, 2552) เครื่องหมายดีเอ็นเอสามารถแบ่งออกเป็นประเภทใหญ่ๆ ได้ 2 ประเภท คือ

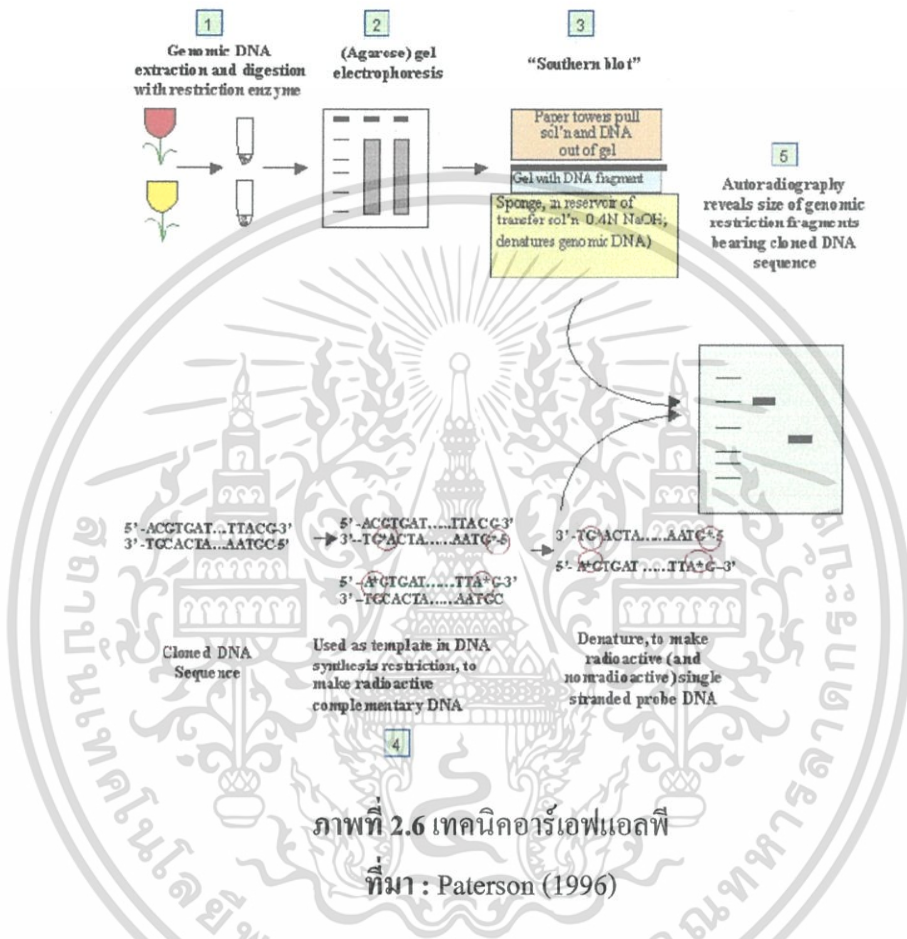
2.4.2.1 Hybridization-based marker อาศัยหลักการเข้าคู่กันของลำดับเบสที่เป็นคู่สมกัน

ระหว่างดีเอ็นเอตรวจสอบ (probe) กับดีเอ็นเอที่ต้องการตรวจสอบ ได้แก่ เครื่องหมายอาร์เอฟแอลพี

เอกสาร (Restriction Fragment Length Polymorphism, RFLP) เป็นการตรวจสอบความแตกต่างหรือความ

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หลากหลายของขนาดดีเอ็นเอที่เกิดจากการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ โดยอาศัยหลักการที่ว่า สิ่งมีชีวิตต่างชนิดหรือต่างสายพันธุ์กัน ย่อมมีลำดับเบสหรือดีเอ็นเอที่แตกต่างกันไม่มากนักน้อย ส่งผลให้ตำแหน่งจดจำ (recognition site) ของเอนไซม์ตัดจำเพาะเปลี่ยนแปลงไป จึงได้ขนาดและจำนวนของชิ้นดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน (Kochert, 1994) ดังภาพที่ 2.6



การตรวจสอบเครื่องหมายดีเอ็นเอโดยการใช้เทคนิคอาร์เอฟแอลพีมีขั้นตอนดังนี้ สกัดดีเอ็นเอจากสิ่งมีชีวิตที่ต้องการตรวจสอบ แล้วนำดีเอ็นเอที่ได้มาตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ จากนั้นนำไปแยกขนาดของชิ้นดีเอ็นเอที่ต้องการด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟเรซิส แล้วจึงถ่ายดีเอ็นเอจากเจลอิเล็กโตรโฟเรซิสลงไปยังแผ่นเมมเบรนฟิลเตอร์ที่มีคุณสมบัติจับกับกรดนิวคลีอิกได้ดี นำแผ่นฟิลเตอร์มาไฮบริไดซ์กับดีเอ็นเอตรวจสอบหรือโพรบจำเพาะ ที่ติดฉลากด้วยสารกัมมันตภาพรังสีหรือสารฟลูออโรสโตนสีบางชนิดเช่น ฟลูออเรสเซนต์ แล้วจึงตรวจสอบตำแหน่งของแถบดีเอ็นเอที่มีเบสเป็นคู่สมกับดีเอ็นเอโพรบที่ใช้ตรวจสอบ (สุริพร เกตุงาม. 2546)

2.4.2.2 PCR-based marker อาศัยหลักการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอ-

เรส (Polymerase chain reaction technique: PCR) ได้แก่ เครื่องหมายอาร์เอฟดี (RAPD marker)

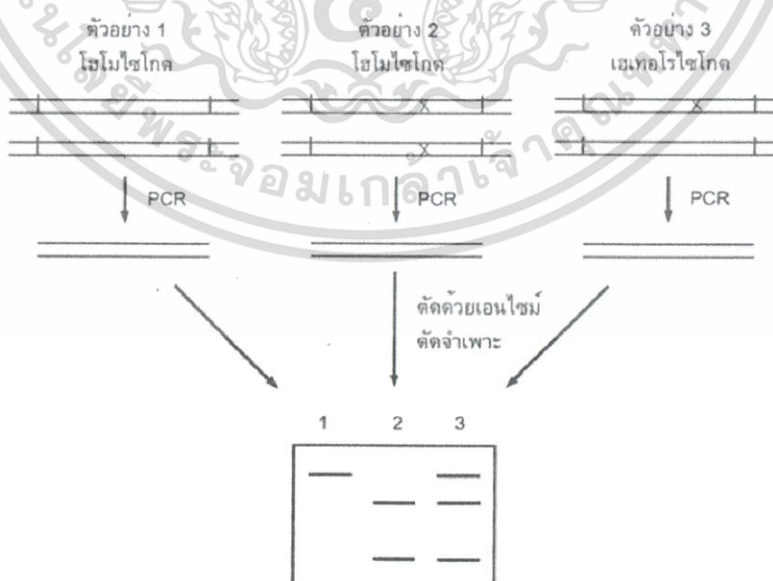
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์สำหรับโรงเรียนเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้เผยแพร่ไปยังโรงเรียนอื่นที่มิใช่
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

(William *et al.* 1990) เครื่องหมายเอเอฟแอลพี (AFLP marker) (Vos *et al.* 1995), และเครื่องหมายไมโครแซทเทลไลท์ (Microsatellite) หรือเอสเอสอาร์ (SSR marker: simple sequence repeat) (Brown *et al.* 1996) ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

1) อาร์เอพีดี (Random Amplified Polymorphic DNA, RAPD)

การตรวจสอบอาร์เอพีดีเป็นวิธีที่ใช้เทคนิคโพลิเมอเรสในการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอโดยใช้ประโยชน์จากดีเอ็นเอทั้งจีโนมและใช้ไพรเมอร์ที่ไม่จำเพาะเจาะจงกับดีเอ็นเอบริเวณใดบริเวณหนึ่ง (arbitrary primer) (Williams *et al.* 1990) จึงสามารถเข้ากับดีเอ็นเอเป้าหมายได้หลายตำแหน่ง อาร์เอพีดีถูกนำมาใช้งานปรับปรุงพันธุ์อย่างกว้างขวางเนื่องจากอาร์เอพีดีเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ไม่เฉพาะเจาะจงตำแหน่งดีเอ็นเอบริเวณหนึ่งบริเวณใดบนโครโมโซมเหมือนอาร์เอเอฟแอลพี และความแตกต่างหรือโพลิมอร์ฟิซึมของอาร์เอพีดีมักเกิดในลักษณะมีและไม่มีแถบดีเอ็นเอที่ตำแหน่งหนึ่งๆ ดังนั้นเครื่องหมายอาร์เอพีดีจึงจัดเป็น โดมิแนนท์มาร์คเกอร์ (dominant marker) จึงไม่สามารถบอกความแตกต่างระหว่างกลุ่มที่เป็นโฮโมไซโกตและเฮเทอโรไซโกตได้ (Stuab *et al.* 1996; Waugh. 1992)

การตรวจสอบอาร์เอพีดีทำได้โดยการเพิ่มปริมาณชิ้นส่วนดีเอ็นเอด้วยเทคนิคโพลิเมอเรสโดยใช้ไพรเมอร์ที่ไม่จำเพาะเจาะจงกับดีเอ็นเอบริเวณใดบริเวณหนึ่งดังที่ได้กล่าวมาแล้ว จากนั้นนำผลผลิตที่ได้จากการทำพีซีอาร์มาแยกขนาดด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิสในอะกาโรสเจลและย้อมด้วยเอธิเดียมโบรไมด์ (ethidium bromide) (Whitkus *et al.* 2004) ดังภาพที่ 2.7



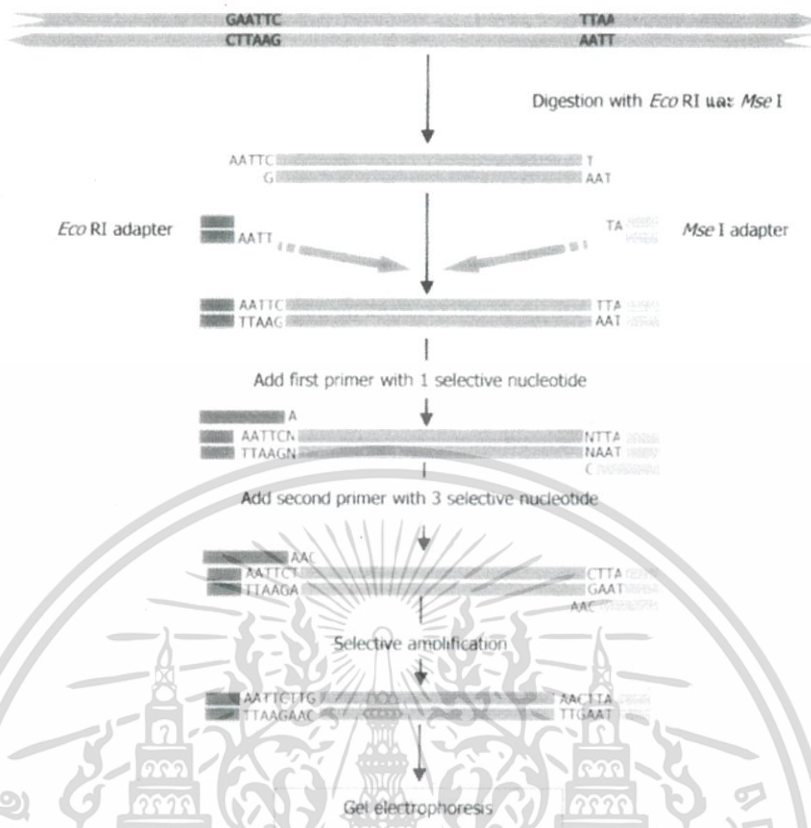
ภาพที่ 2.7 การตรวจโพลิมอร์ฟิซึมจากผลผลิตพีซีอาร์โดยการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับก... **ที่มา: สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล (2552)** กดให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2) เอเอฟแอลพี (AFLP, Amplified Fragment Length Polymorphisms)

เป็นเครื่องมือที่ใช้ตรวจสอบความแตกต่างของชิ้นดีเอ็นเอที่ได้จากการย่อยด้วย เอนไซม์ตัดจำเพาะแล้วนำมาเพิ่มปริมาณด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส คล้ายกับการทำอาร์เอฟแอลพี เนื่องจากถ้าเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอที่ตัดได้ทั้งหมดจะมีปริมาณมากจนไม่สามารถตรวจสอบได้ สารพันธุกรรมจะถูกย่อยด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะสองชนิดที่มีตำแหน่งจดจำแตกต่างกัน ชิ้นดีเอ็นเอที่ได้จะถูกต่อเข้ากับชิ้นดีเอ็นเอสังเคราะห์ที่ทราบรหัสสองชนิด หากมีการเข้าสู่ที่เฉพาะเจาะจงระหว่างชิ้นดีเอ็นเอไพรเมอร์ (primer) กับชิ้นดีเอ็นเอสังเคราะห์ที่ทราบรหัสและเบสคัดเลือก ในชิ้นดีเอ็นเอเป้าหมาย จะทำให้ดีเอ็นเอเหล่านั้นมีการเพิ่มปริมาณขึ้น เรียกขั้นตอนการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอแบบเฉพาะนี้ว่า selective amplification ทำให้ได้ชิ้นดีเอ็นเอที่มีขนาดแตกต่างกันจำนวนมาก สามารถแยกขนาดด้วยเทคนิค โพลีอะคริลาไมด์เจลอิเล็กโตรโฟรีซิส (polyacrylamide gel electrophoresis) โดยความผันแปรของแถบดีเอ็นเอที่ปรากฏหรือไม่ปรากฏ เป็นผลจากการมีหรือไม่มีของจุดตัดเอนไซม์ ดังนั้นเครื่องมือเอเอฟแอลพีจึงมีความจำเพาะและมีความสม่ำเสมอในการทำซ้ำสูงกว่าอาร์เอฟพีดี (สุรินทร์ ปิยะ โชคณากุล. 2552 ; สุริพร เกตุงาม. 2546)

เทคนิคเอเอฟแอลพีประกอบด้วย 3 ขั้นตอนคือ การตัดหรือการย่อยดีเอ็นเอที่ต้องการตรวจสอบด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะสองชนิด เช่นเอนไซม์ *EcoRI* และ *MseI* แล้วย่อยด้วย oligonucleotide adapters แล้วทำการเลือกเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอที่เชื่อมต่อกับ ligonucleotide adapters เพียงบางส่วน จากนั้นจึงแยกชิ้นดีเอ็นเอที่มีการเพิ่มปริมาณ โดยใช้เทคนิค denaturing polyacrylamide gel electrophoresis (สุริพร เกตุงาม. 2546 ; อมรรัตน์ มงคลพร. 2548) ดังภาพที่ 2.8



ภาพที่ 2.8 เทคนิคเอฟแอลพีที่ใช้ไพรเมอร์หนึ่งคู่
ที่มา : Primrose and Tmyman (2003)

3) ไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอ (Microsatellite marker)

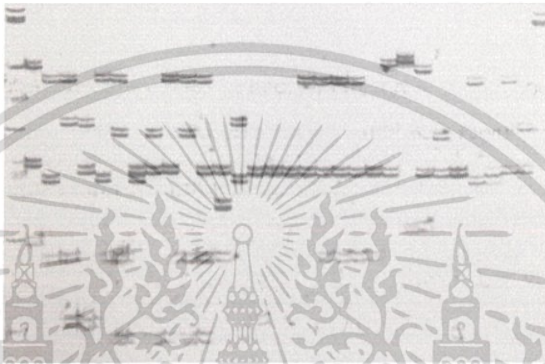
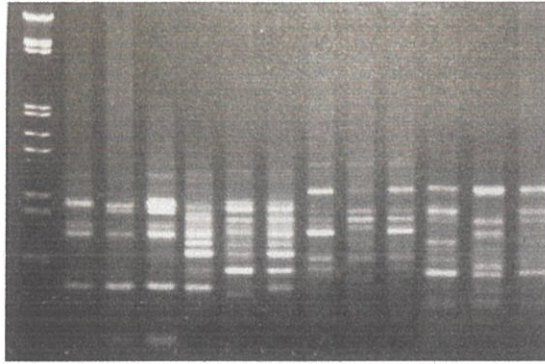
ไมโครแซทเทลไลท์เป็นส่วนของดีเอ็นเอที่มีลำดับเบสซ้ำช่วงสั้นๆ โดยหน่วยซ้ำส่วนใหญ่เล็กกว่า 6 คู่เบส เช่น (GT)_n, (CAT)_n, (GATA)_n และมีจำนวนซ้ำกันประมาณ 10-50 ครั้ง กระจายอยู่ทั่วไปในโครโมโซม โดยในแต่ละตำแหน่งจะมีความแปรผันสูง เนื่องมาจากจำนวนซ้ำที่แตกต่างกันในแต่ละตำแหน่ง (วิชัย บุญแสงและคณะ. 2545; Tautz. 1989) โดยทั่วไปเบสซ้ำเหล่านี้ มักมีลำดับเบสที่จำเพาะอยู่บริเวณรอบๆเบสซ้ำต่อเนื่อง จึงมีการออกแบบไพรเมอร์ที่สามารถเข้าคู่กับเบสจำเพาะเหล่านี้ซึ่งเรียกว่า ไมโครแซทเทลไลท์ไพรเมอร์ (microsatellite primer) หรือ เอสเอสอาร์ไพรเมอร์ (SSR primer : simple sequence repeat primer) โดยไพรเมอร์เหล่านี้จะใช้เป็นจุดเริ่มต้นของการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอของส่วนที่เป็นเบสซ้ำต่อเนื่องที่อยู่ระหว่างเบสจำเพาะ โดยความหลากหลายของชิ้นดีเอ็นเอขนาดต่างๆ เป็นผลมาจากจำนวนครั้งของเบสซ้ำที่ไม่เท่ากัน จึงสามารถใช้บ่งบอกความแตกต่างระหว่างสิ่งมีชีวิตได้ (สุริพร เกตุงาม. 2546; Brown *et al.* 1996)

ตารางที่ 2.2 เปรียบเทียบเทคนิคของเครื่องหมายดีเอ็นเอแบบต่างๆ

ชื่อเปรียบเทียบ	RFLP	RAPD	SSR	AFLP
1. หลักการ	ตัดสายดีเอ็นเอด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะและทำเซาเรอร์น บล็อกกับโพรบ	เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอเป้าหมายด้วยเทคนิคพีซีอาร์ โดยใช้ไพรเมอร์แบบสุ่ม	เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอเอบริเวณที่เป็นชุดซ้ำสั้นๆด้วยเทคนิคพีซีอาร์	เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอที่ตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะบางส่วนด้วยเทคนิคพีซีอาร์
2. การเกิด โพลีเมอร์พีซีเอ็ม	การเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ที่เกิดจากการกลายพันธุ์ (mutation) โดยการมีชิ้นส่วนของดีเอ็นเอเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไป	การเปลี่ยนแปลงของลำดับเบส ที่เกิดจากการกลายพันธุ์ (mutation) โดยการมีชิ้นส่วนของดีเอ็นเอเพิ่มขึ้นหรือขาดหายไป	การเปลี่ยนแปลงความยาวของชุดซ้ำ	การเปลี่ยนแปลงความยาวของชุดซ้ำ
3. ปริมาณที่พบในจีโนม	สูง	สูงมาก	ปานกลาง	สูง
4. ระดับ โพลิมอร์ฟิซึม	ปานกลาง	ปานกลาง	สูง	ปานกลาง
5. การแสดงของแถบดีเอ็นเอ	โคโคมิแนนท์	โคมิแนนท์	โคโคมิแนนท์	โคโคมิแนนท์
6. ปริมาณดีเอ็นเอที่ใช้	2-10 ไมโครกรัม	10-50 ไมโครกรัม	10-50 ไมโครกรัม	1-2 ไมโครกรัม
6. ความต้องการทราบข้อมูลลำดับเบส	ไม่ต้องการ	ไม่ต้องการ	ต้องการ	ไม่ต้องการ
7. การตรวจสอบด้วยสารกัมมันตภาพรังสี	ใช้หรือไม่ใช้ก็ได้	ไม่ใช้	ใช้หรือไม่ใช้ก็ได้	ใช้หรือไม่ใช้ก็ได้

ที่มา : ดัดแปลงจาก Carter. (2000); สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. (2552); สุวีพร เกตุงาม. (2546)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



ภาพที่ 2.10 ผลที่ได้จากการแยกขนาดดีเอ็นเอด้วยอะกาโรสเจล (agarose gel) ที่ย้อมด้วยเอธิเดียม-โบรไมด์ (บน) และโพลีอะคริลาไมด์เจล (polyacrylamide gel) ที่ย้อมด้วย silver staining (ล่าง)

ที่มา : อมรรัตน์ มงคลพร (2548)

ในปัจจุบันการแยกขนาดของไมโครแซทเทลไลท์สามารถทำการตรวจสอบได้ด้วยเครื่องมือวิเคราะห์แถบดีเอ็นเออัตโนมัติ เช่น เครื่อง ABI sequencer เครื่อง Automated Genetic Analysis System รุ่น CEQ-8000 ที่สามารถตรวจสอบขนาดดีเอ็นเอสายสั้นๆหรืออัลลีล (allele) ได้ แม้จะมีขนาดแตกต่างกันเพียงหนึ่งเบส โดยการนำตัวอย่างดีเอ็นเอมาเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส โดยการติดฉลากฟลูออเรสเซนซ์กับไมโครแซทเทลไลท์มาร์คเกอร์ แล้วนำมาแยกขนาดโดยผ่าน capillary acrylamide gel และตรวจสอบแถบดีเอ็นเอผ่านตัวตรวจสอบของเครื่อง ใช้หลักการของการติดตามแสง fluorescence ประมวลผลและแสดงเป็นกราฟระหว่างขนาดของดีเอ็นเอและ dye signal โดยมีกราฟของดีเอ็นเอมาตรฐาน (size standard) เป็นตัวเปรียบเทียบ (สุนัย-เทคน โฉมชีพภาพทางการเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 2560; William *et al.* 2010)

ข้อดีของไมโครแซทเทลไลท์ก็ถือเป็นดีเอ็นเอที่พบได้มากและครอบคลุมทั้งจีโนม บริเวณที่ตรวจสอบเป็นดีเอ็นเอช่วงสั้นๆ ดังนั้นดีเอ็นเอที่ใช้จึงไม่จำเป็นต้องมีคุณภาพดีและใช้ปริมาณเพียงเล็กน้อยก็สามารถตรวจสอบได้ นอกจากนี้แต่ละตำแหน่งมีความหลากหลายแตกต่างกัน จึงสามารถ

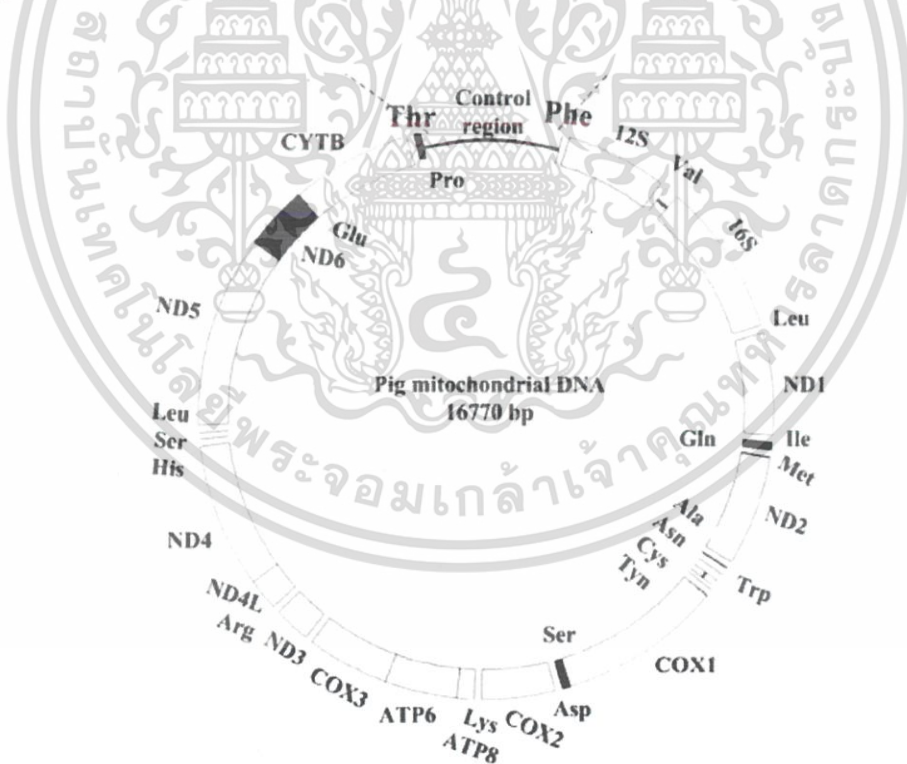
เลือกตำแหน่งที่เหมาะสมในการตรวจสอบได้ เช่น ถ้าต้องการแยกความแตกต่างภายในกลุ่มคำ

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ประชากร มักเลือกตำแหน่งที่มีความหลากหลายไม่สูงมากนัก แต่ถ้าต้องการจำแนกความแตกต่างแต่ละตัวอาจเลือกตรวจสอบในตำแหน่งที่มีความหลากหลายสูง เช่น ตำแหน่งที่มีจำนวนอัลลิลมากกว่า 5 อัลลิลขึ้นไป อีกทั้งยังเป็นลักษณะที่มีหลายอัลลิลในโลคัส ทำให้สามารถตรวจสอบความแตกต่างได้มากกว่าเครื่องหมายโมเลกุลอื่นๆ (Tassanakajon. 2003)

2.5.2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองจากข้อมูลไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ

ไมโทคอนเดรียเป็นออร์แกเนลล์ที่ทำหน้าที่ในการหายใจและเป็นแหล่งพลังงานให้แก่เซลล์ มีดีเอ็นเอเป็นของตัวเอง เซลล์ส่วนใหญ่ประกอบด้วยไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอหลายชุด ทำให้มีปริมาณดีเอ็นเอมากกว่านิวเคลียลดีเอ็นเอ โครงสร้างของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตส่วนใหญ่รวมถึงสุกรมีลักษณะเป็นดีเอ็นเอเกลียวคู่แบบวงแหวน (double strand circular DNA) มีขนาดประมาณ 16,770 คู่เบส (Li *et al.* 2013) มีองค์ประกอบเป็นเบสกวานีน (G) และไซโตซีน (C) ประมาณ 44 เปอร์เซ็นต์ และมีจำนวนยีนในไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอทั้งหมด 38 ยีน โดยตำแหน่งสุดท้ายเป็นบริเวณที่เรียกว่า control region หรือ displacement loop (D-loop) หรือ hypervariable region



ภาพที่ 2.11 โครงสร้างจีโนมในไมโทคอนเดรียของสุกรและตำแหน่งของยีนต่างๆ

ที่มา : Li *et al.* (2013)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 2.3 ตำแหน่งของยีนต่างๆและ control region ของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอของสุกร

Feature	Position		Codon	
	From	To	Start	Stop
tRNA-Phe	1	70		
12S rRNA	71	1,032		
tRNA-Val	1,032	1,099		
16S rRNA	1,100	2,668		
tRNA-Leu (UUR)	2,668	2,742		
NADH1	2,745	3,701	ATG	TAG
tRNA-Ile	3,700	3,768		
tRNA-Gln	3,766	3,838 (L)		
tRNA-Met	3,840	3,909		
NADH2	3,910	4,953	ATT	TAG
tRNA-Trp	4,952	5,019		
tRNA-Ala	5,093	5,026 (L)		
tRNA-Asn	5,169	5,095 (L)		
Or. L-stand repl.	5,166	5,212		
tRNA-Cys	5,267	5,202 (L)		
tRNA-Tyr	5,332	5,267 (L)		
COI	5,334	6,878	ATG	TAA
tRNA-Ser (UCN)	6,950	6,882 (L)		
tRNA-Asp	6,958	7,025		
COII	7,026	7,713	ATG	T--
tRNA-Lys	7,714	7,780		
ATPase8	7,782	7,985	ATG	TAA
ATPase6	7,943	8,623	ATG	TAA
COIII	8,623	9,407	ATG	TA
tRNA-Gly	9,407	9,475		
NADH3	9,476	9,822	ATA	TA

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 2.3 (ต่อ)

Feature	Position		Codon	
	From	To	Start	Stop
tRNA-Arg	9,823	9,891		
NADH4L	9,892	10,188	GTG	TAA
NADH4	10,182	11,559	ATG	T--
tRNA-His	11,560	11,628		
tRNA-Ser (AGY)	11,629	11,687		
tRNA-Leu (CUN)	11,688	11,757		
NADH5	11,758	13,577	ATA	TAA
NADH6	14,088	13,559 (L)	ATG	TAA
tRNA-Glu	14,157	14,089 (L)		
Cyt b	14,162	15,301	ATG	AGA
tRNA-Thr	15,302	15,369		
tRNA-Pro	15,433	15,369 (L)		
Control region	15,434	16,679		
CSB-1	16,109	16,134		
CSB-2	16,378	16,396		
CSB-3	16,430	16,448		

ที่มา : Ursing and Arnason (1998)

การหาลำดับเบสโดยใช้ไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอจะตรวจสอบในบริเวณที่เรียกว่า displacement loop (D-loop) ซึ่งตั้งอยู่บนตำแหน่งที่ 1-1,175 มีขนาด 1,176 คู่เบส ประกอบด้วยเบส Adenine (A) 34.7%, Guanine (G) 13.3%, Cytosine (C) 26.2% และ Thymine (T) 25.8% (Lin *et al.* 1999) เป็นตำแหน่งที่มีความหลากหลายสูง เนื่องจากมีอัตราการกลายพันธุ์ที่สูงมาก ซึ่งสูงกว่าอัตราการกลายพันธุ์ของยีนในนิวเคลียสถึง 10 เท่า โดยอัตราการกลายพันธุ์ที่สูงนี้ ทำให้เกิดความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์หรือ โพลิมอร์ฟิซึมจึงสามารถนำมาใช้ในการตรวจสอบความสัมพันธ์ของสิ่งมีชีวิตทั้งภายในประชากรและภายนอกประชากรได้ (สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. 2552) โดยการตรวจสอบความสัมพันธ์ของสิ่งมีชีวิตสามารถทำได้โดยอาศัยเทคนิคปฏิกิริยาโพลีเมอเรสและการอ่านลำดับเบสด้วยเครื่องอัตโนมัติ โดยหากเป็นสัตว์ที่สืบเชื้อสายมาจากสปีชีส์เดียวกันจะมีลำดับเอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เบสบริเวณ D-loop ตรงกัน ในทางตรงกันข้ามหากไม่ใช้เชื้อสายเดียวกันลำดับเบสบริเวณ D-loop จะต่างกัน (สมาคมพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทยและสสวท. 2548)

2.6 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.6.1 งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองจากข้อมูลไมโครแซทเทลไลท์

พนิช คำรบธนสาร (2545) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทยจากตัวอย่างเลือดสุกรจำนวน 28 ตัวอย่าง พื้นที่จังหวัดสุรินทร์ เลย สกลนครและนครพนม โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 17 โลไซพบว่าทุกมาร์คเกอร์สามารถใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองทางภาคตะวันออกเฉียงเหนือได้ (DAGK, OPN, IGF1, PgHAS, PIGS0085X, S0227, S0097, S0010, SW957, SW2429, SSC133243, S0001, SSU24283, SSS0313, SSMDNAX7, SS13NO5R และ PIGREPD) ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรจากค่าเฮตเทอโรไซโกซิติคของสุกรตัวอย่างจากจังหวัดสุรินทร์ เลย สกลนครและนครพนม มีค่า 0.397, 0.370 และ 0.446 ตามลำดับ แสดงให้เห็นให้ว่าสุกรพื้นเมืองทั้ง 3 พื้นที่ยังคงมีความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับปานกลางระหว่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรพบว่าสุกรจากจังหวัดเลยและสกลนครและนครพนมมีความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรมมากกว่าสุกรจากจังหวัดสุรินทร์ แผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่า สุกรจากต่างประเทศและสุกรพื้นเมืองไทยไม่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกันจึงมีความเหมาะสมที่จะใช้เป็นแหล่งพันธุ์ต่อไป

Flores *et al.* (2001) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองเม็กซิโกไม่มีขน (Hairless Mexican pig) โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 10 โลไซ (SW72, S0155, S0226, S0355, SW24, S0218, S0005, S0026, S0225, S0227) จากสุกรพื้นเมืองในประเทศ 7 พื้นที่ ค่าเฮตเทอโรไซโกซิติคพบว่าสุกรพื้นเมืองเม็กซิโกมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง เนื่องจากลักษณะทางภูมิศาสตร์ที่แตกต่างกันส่งผลให้สุกรถูกพัฒนาเป็นสายพันธุ์ที่แตกต่างกัน

Jae *et al.* (2014) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองในประเทศฟิลิปปินส์และสุกรเชิงการค้าจำนวน 3 พันธุ์ โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 10 โลไซคือ S0026, S0155, S0225, SW0005, SW24, SW72, SW632, SW787, SW936, SW951 ผลการศึกษาพบว่าทุกไมโครแซทเทลไลท์มาร์คเกอร์สามารถใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรในประเทศฟิลิปปินส์ได้ ค่าเฉลี่ยเฮตเทอโรไซโกซิติคคาดหวัง (H_{exp}) และค่าเฮตเทอโรไซโกซิติคสังเกต (H_{obs}) ในสุกรพื้นเมือง มีค่าเท่ากับ 0.290 และ 0.403 ตามลำดับ โดยค่าเฉลี่ยต่ำสุดของเอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จำนวนอัลลีลต่อโลคัสในกลุ่มประชากรมีค่าเท่ากับ 3.30 ค่าเฉลี่ย PIC มีค่าตั้งแต่ 0.26 ถึง 0.61 และค่าเฉลี่ยจำนวนอัลลีลมีค่าเท่ากับ 4.2

Enrique *et al.* (2014) ทำการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองในประเทศโคลัมเบีย โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 20 โลไซ (SW489, SW2519, SW780, SW2083, SW2019, SW2410, S0215, SW72, SW911, IFNG, SW1041, SWR345, TNFB, S0385, SW787, S0090, SW1083, SW957, SW2427, SW1067) ในสุกรพื้นเมือง 54 ตัวอย่าง โดยเก็บตัวอย่างจากชนสุกรที่ไม่มีความสัมพันธ์ทางเครือญาติกัน ผลการศึกษาพบว่าทุกไมโครแซทเทลไลท์สามารถใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองในประเทศโคลัมเบียได้ พบค่าเฉลี่ยอัลลีลต่อโลคัสมีค่าเท่ากับ 6.9 และพบอัลลีลทั้งหมด 138 อัลลีล ค่าเฉลี่ยของ Hexp เท่ากับ 0.5259 และค่า Hobs เท่ากับ 0.5120 ค่า PIC มีค่าระหว่าง 0.3212 ถึง 0.7980

Fang *et al.* (2004) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรในประเทศจีนจากสุกรพื้นเมือง 32 พันธุ์ สายพันธุ์เชิงการค้า 3 พันธุ์ คือ Duroc, Landrace, Yorkshire และสุกรป่า 2 พันธุ์ โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 34 โลไซ ผลการศึกษาพบว่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมในสุกรพื้นเมืองพันธุ์ Lingao มีขนาดสูงที่สุด และพันธุ์ Jiaxing มีค่าต่ำสุด ระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) มีค่ามากที่สุดระหว่างสุกรพื้นเมืองพันธุ์ Shanggao กับ Duroc และต่ำสุดใน Wuzhishan กับ Lingao ข้อมูลจากระยะห่างทางพันธุกรรมและแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองจีนมีความแตกต่างทางพันธุกรรมกับสุกรเชิงการค้า

Vicente *et al.* (2008) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองประเทศโปรตุเกส 3 พันธุ์คือ Alentejano, Bisaro, Malhado de Alcobaca และสุกรเชิงการค้า 4 พันธุ์คือ Duroc, Landrace, Large White และ Pietrain รวมจำนวน 249 ตัวอย่าง โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 22 โลไซ พบว่ามีเพียง 9 โลไซที่สามารถใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรในประเทศโปรตุเกสได้คือ SW632, S0101, S0068, S0225, S0226, S0228, S0026, S0005, S0178 ค่าเฉลี่ยและจำนวนอัลลีลต่อโลคัสเท่ากับ 10.68 และ 4.33 ตามลำดับ ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีคาดหวังเท่ากับ 0.667 โดยพบว่าจำนวนอัลลีลต่อโลคัสและค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีคาดหวังมีค่าสูงใน Bisaro, Landrace และ Alentejano และมีค่าต่ำในสุกรพันธุ์ Duroc

Hendrick *et al.* (2007) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพันธุ์ต่างๆในประเทศจีนและประเทศในทวีปยุโรป โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จากสุกรในทวีปยุโรป 52 ตัวอย่าง และจากประเทศจีน 46 ตัวอย่าง ผลการศึกษาพบว่าสุกรจากยุโรปสามารถจัดกลุ่มได้เป็นหนึ่งกลุ่มหลักซึ่งแยกตัวออกจากกลุ่มอื่นๆ อาจด้วยเหตุผลของโครงสร้างทางภูมิศาสตร์ ประชากรจากสุกรเชิงการค้าจึงสามารถจัดกลุ่มได้อย่างมีลักษณะเฉพาะ โดยสุกรจากประเทศจีนถูกจัดเป็นสุกรกลุ่มที่ 2 แสดงให้เห็นว่าสุกรเชิงการค้าและสุกรพื้นเมืองของจีนมีความแตกต่างกันทาง

เอกสารพันธุกรรมที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Laval *et al.* (2000) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกร ประกอบไปด้วยสุกรจำนวน 11 พันธุ์ จาก 6 ประเทศกลุ่มยุโรป โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 18 โลไซ (S0155, SW240, S0226, S0002, S0227, S0005, IGF1, SW122, SW632, S0225, S0178, SW911, SW951, S0090, S0215, SW857, SW24, S0218) พบว่ามีความแตกต่างระหว่างพันธุ์อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($F_{st} = 0.27$) และค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมอยู่ในระดับปานกลาง ($H_{exp} = 0.35$ ถึง 0.60)

Martinez *et al.* (2000) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองไอบีเรียน (Iberian pig) โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 25 โลไซ (CGA, S0068, S0101, S0215, SW911SW936, SW24, SW632, S0225, S0226, S0228, S0090, S0178, SW122, SW951, IGF1, S0002, S0005, S0026, S0155, SW240, SW72, SW857, S0355, S0386) โดยเก็บตัวอย่างเลือดสุกรพื้นเมืองจาก 9 พื้นที่ พบค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีในประชากรมีค่าระหว่าง 0.463-0.641 ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างสุกรพันธุ์ครอกกับสุกรพื้นเมืองมีค่าสูงสุดเท่ากับ 0.3998 ซึ่งการวิจัยชี้ให้เห็นว่าจำเป็นต้องมีการกำหนดนโยบายเพื่ออนุรักษ์สุกรพื้นเมืองทั้ง 9 พื้นที่ต่อไป

Su *et al.* (2001) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรลูกผสม 30% ลาร์จไวท์ และ 70% เหมยซาน โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 12 โลไซ พบจำนวนอัลลีล 2-4 อัลลีล ความถี่อัลลีลเฉลี่ยเท่ากับ 0.937 และค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีเท่ากับ 0.1186-0.625 พบความแปรปรวนของความหลากหลายทางพันธุกรรมในกลุ่มสุกรตัวอย่างอยู่ในระดับสูง

Kim and Choi (2002) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรในประเทศเกาหลี โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 6 โลไซ ในสุกรจำนวน 67 ตัวอย่าง พบความผันแปรทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรของสุกรพื้นเมืองเกาหลีมีความใกล้ชิดกับสุกร Yanbian มากกว่าสุกร Kagoshima ของญี่ปุ่น โดย Chang *et al.* (2012) ได้ทำการวิเคราะห์ค่าทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองในประเทศไต้หวันพันธุ์ Lanyu พบค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีในระดับต่ำ สาเหตุสำคัญเนื่องมาจากประชากรมีจำนวนน้อยจึงมีการผสมแบบเลือดชิดขึ้น

Chaiwatanasin *et al.* (2002) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองประเทศไทย โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 15 โลไซ (S001, S0010, S0086, S0107, S0151, S0227, S0352, SW957, SW1066, ATP2, IGF1, TNFB, PgHAS, SS13N17R และ SS13R44R) จากสุกรพื้นเมืองภาคเหนือ 22 ตัวอย่างและจากภาคตะวันออกเฉียงเหนือ 27 ตัวอย่าง พบจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัส จำนวนเฉลี่ยของอัลลีลร่วมต่อโลคัส และค่าเฉลี่ยความหลากหลายของยีนต่อโลคัส มีค่า 8.60, 4.27 และ 0.7742 ตามลำดับ ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีสังเกตและเฮตเทอโรไซโกซิตีคาดหวังจากภาคเหนือมีค่า 0.4496 และ 0.6003 ตามลำดับ ซึ่งน้อยกว่าค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีสังเกตและเฮตเทอโรไซโกซิตีคาดหวังจากภาคตะวันออกเฉียงเหนือที่มีค่า 0.5570 และ

เอกสาร 0.7743 ตามลำดับ ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างสุกรพื้นเมืองจากภาคเหนือและสุกรพื้นเมืองจาก

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีค่า 0.5510 แสดงให้เห็นว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองในเขตภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีค่าสูงกว่าสุกรพื้นเมืองภาคเหนือ

Chaweewan *et al.* (2014) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองเขตภาคเหนือ ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคตะวันออกและภาคใต้ของประเทศไทย ทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 10 โลไซ (IGF1, S0090, S0155, S0178, S0215, S0218, S0225, S0226, S0227, S0228) โดยเก็บตัวอย่างเลือดสุกรภาคละ 20 ตัวอย่าง พบว่าทุกมาร์คเกอร์สามารถใช้ในการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองในประเทศไทยได้ โดยพบจำนวนอัลลีลในช่วงระหว่าง 4 ถึง 10 อัลลีล พบมากที่สุดในการมาร์คเกอร์ S0178 ในประชากรสุกรพื้นเมืองทางภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และต่ำสุดใน S0227 ในประชากรสุกรพื้นเมืองทางภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีสังเกตและคาดหวัง (H_{obs} , H_{exp}) มีค่าในช่วง 0.18 ถึง 1.0 และ 0.68 ถึง 0.95 ตามลำดับ ค่าพันธุกรรมจากทฤษฎีสถิตสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg equilibrium) ในสุกรพื้นเมืองที่ต่างกัน พบว่าไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($PHWE > 0.05$) แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) แสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองไทยสามารถแบ่งออกได้เป็น 2 กลุ่ม โดยกลุ่มแรกจากภาคเหนือ ภาคใต้และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ และกลุ่มที่สองจากภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

Chiwatanasin *et al.* (2002) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองไทยกับสุกรเชิงการค้า จำนวน 4 พันธุ์ โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 14 โลไซ คือ ATP2, IGF1, PgHAS, S0010, S0086, S0107, S0151, S0227, S0352, SS13N17R, SS13R44R, SW957, SW1066 และ TNFB โดยเก็บตัวอย่างเลือดสุกรจำนวน 79 ตัวอย่าง แบ่งเป็นสุกรพื้นเมืองไทย (Thai native) 49 ตัวอย่าง สุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ (Large White) สุกรพันธุ์สปอตลาร์จไวท์ (Spotted Large White) และสุกรพันธุ์เพียเทรน (Pietrain) สายพันธุ์ละ 10 ตัวอย่าง พบค่าเฉลี่ยอัลลีลต่อโลคัส ค่าเฉลี่ยอัลลีลต่อโลคัสรวม และค่าเฉลี่ยความหลากหลายของยีน มีค่า 8.86, 1.86 และ 0.7875 ตามลำดับ ค่า PIC ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีสังเกตและคาดหวังของสุกรพื้นเมืองไทยมีค่า 0.7555, 0.5335 และ 0.7925 ตามลำดับ ซึ่งมีค่าสูงกว่าในสุกรพันธุ์ลาร์จไวท์ (0.5468, 0.5571 และ 0.6707), สปอตลาร์จไวท์ (0.5300, 0.5800 และ 0.6492) และเพียเทรน (0.4874, 0.4545 และ 0.5986) ระยะห่างพันธุกรรมและแผนภาพความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมชี้ให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองไทยและสุกรสายพันธุ์ต่างประเทศมีความแตกต่างกันทางพันธุกรรม

Chang *et al.* (2012) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองใต้หวันพันธุ์ Lanyu และสุกรพันธุ์ต่างประเทศ โดยทำการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 19 โลไซ คือ SW857, IGF1, S0155, S0005, SW911, S0068, S0002, S0228, SW024, S0227, SW72, S0218, S0355, SW122, S0225, S0226, SW951, S0215 และ S0386 ผลการศึกษาพบค่าอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัส ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีสังเกตและคาดหวังเฉลี่ยเท่ากับ 3.74, 0.375 และ 0.559 ตามลำดับ ค่า PIC เฉลี่ยเท่ากับ 0.485 ข้อมูลแผนภาพความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและระยะห่างทางพันธุกรรมจาก

สุกรพันธุ์ Lanyu, Meishan, Taoyuan, Yorkshire , Berkshire, Landrace และ Duroc พบว่าสามารถแบ่งออกได้เป็น 2 clade คือกลุ่มที่เป็นสุกรจากทวีปยุโรปคือ Yorkshire , Berkshire, Landrace และ Duroc และกลุ่มที่เป็นสุกรจากทวีปเอเชียคือ Meishan และ Taoyuan โดยมีสุกรพันธุ์ Lanyu เป็น subclade

Yang *et al.* (2012) ศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรของสุกรพื้นเมืองไทยจากสุกร 4 กลุ่มประชากร แบ่งเป็นสุกรพื้นเมืองจากภาคตะวันออกเฉียงเหนือและสุกรจากภาคใต้ 2 กลุ่ม สุกรป่า 1 กลุ่ม และสุกรพื้นเมืองจีนพันธุ์ Qianbei Blank จากพื้นที่จังหวัด Quizhou 1 กลุ่ม โดยทำการตรวจสอบข้อมูลจากไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 12 โลไซ (S0227, S0090, S0226, S0005, S0068, S0225, S0155, SW122, S0355, S0386, SW911, SW24) ผลการศึกษาพบจำนวนอัลลีลเฉลี่ยในระดับสูง โดยสุกรพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคใต้ สุกรพื้นเมืองจีนสายพันธุ์ Qianbei Blank และสุกรป่ามีค่า 7.09, 6.3, 5.97 และ 5.19 ตามลำดับ สุกรพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีค่า PIC สูงสุดเท่ากับ 0.82 ค่าเฮเทอโรไซโกซิตีคาดหวังจากสุกรพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคใต้ สุกรป่าและสุกรพื้นเมืองจีนสายพันธุ์ Qianbei Blank มีค่า 0.72, 0.71, 0.69 และ 0.82 ตามลำดับ การทดสอบการเข้าสู่สภาพสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ พบว่ามี 7 โลคัสที่เข้าสู่สภาพสมดุลตามกฎของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (ไม่แสดงข้อมูล) ระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างสุกรพื้นเมืองจีนพันธุ์ Qianbei Blank และสุกรป่ามีค่าสูงสุด ขณะที่สุกรพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือและสุกรป่ามีค่าต่ำสุด

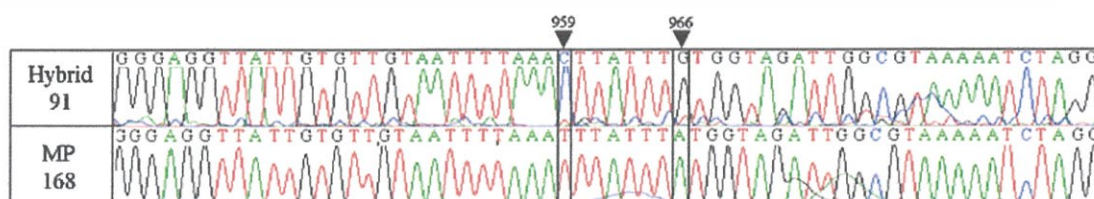
Tomasz *et al.* (2016) ศึกษาโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากรสุกรพื้นเมืองประเทศโปแลนด์จำนวน 1 พันธุ์ และสุกรพันธุ์ Polish Landrace, Polish Large White, Pietrain และ Duroc โดยทำการตรวจสอบข้อมูลจากไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 5 โลไซ คือ SW589, S0073, SW445, S0001, S0097 วิเคราะห์แถบอัลลีล ด้วยเครื่อง Genetic Analysis System ; CEQ-8000 พบว่ามีความหลายทางพันธุกรรมระดับสูงในสุกรสายพันธุ์ Polish Landrace, Polish Large White และเพียเทรน มีค่า 0.740, 0.697, 0.692 และ 0.688 ตามลำดับ โดยสุกรพันธุ์ดูรอก มีค่าต่ำสุด (0.589) พบจำนวนอัลลีลทั้งหมด 43 อัลลีล จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสเท่ากับ 8.6 โดยอยู่ในช่วงระหว่าง 7 (S001, SW589) ถึง 10 (S0073, SW445) อัลลีล ค่าเฮเทอโรไซโกซิตีมีค่า 0.439 (S0001) ถึง 0.793 (SW589) และค่า PIC มีค่า 0.546 (S0001) ถึง 0.819 (SW445)

2.6.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองจากข้อมูลไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ

มัทธนา วรรณจักร (2556) ศึกษาต้นกำเนิดของสุกรไทยจากซากสุกรโบราณจำนวน 13 ตัวอย่าง เอกสารที่ทำการวิเคราะห์ข้อมูลของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop ประเมินความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

พันธุกรรมระหว่างสุกรไทยในยุคโบราณกับสุกรเอเชียและสุกรยุโรปในปัจจุบันและสุกรโบราณจากประเทศจีนจากฐานข้อมูลธนาคารยีน (gene bank) พบว่าสุกรไทยโบราณมีความหลากหลายของลำดับนิวคลีโอไทด์จำนวน 5 ตำแหน่งจากทั้งหมด 23 ตำแหน่ง การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมชี้ให้เห็นว่าสุกรโบราณของไทยจัดแบ่งออกได้เป็น 2 กลุ่ม คือกลุ่มที่มีแต่สุกรในเอเชีย (Asian clade) เท่านั้นและมีความใกล้ชิดกับสุกรจากประเทศจีน และกลุ่มที่สองมีทั้งสุกรเอเชียและยุโรป (European-Asian clade) และมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับสุกรป่าของเอเชีย จากข้อมูลนี้แสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองไทยอาจมีที่มาของต้นกำเนิดที่หลากหลาย ซึ่งอาจกล่าวได้ว่าสืบเชื้อสายทั้งจากสุกรในท้องถิ่นเดียวกันและจากสุกรในแถบเอเชียโดยเฉพาะอย่างยิ่งจากประเทศจีน

Grossi *et al.* (2006) ได้ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรป่า (*Sus scrofa scrofa*) สุกรการค้าภายในประเทศกลุ่มยุโรป (*Sus scrofa domestica*) ที่เกิดจากการผสมระหว่างลาร์จไวท์และดอร์ค และสุกรลูกผสม (hybrid pigs) ที่เกิดจากการผสมระหว่างสุกรป่าและสุกรพื้นเมือง โดยการวิเคราะห์ข้อมูลของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop โดยทำการเก็บตัวอย่างเลือดจากสุกรป่าจำนวน 10 ตัวอย่าง สุกรภายในประเทศ และสุกรลูกผสม แล้วนำมาสกัดดีเอ็นเอโดยวิธีฟีนอลคลอโรฟอร์ม (phenol-chloroform) แล้วทำการเพิ่มปริมาณข้อมูลของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop อาศัยเทคนิคปฏิกิริยาถูกลูโซโพลีเมอเรส แล้วทำการตรวจสอบผลผลิตดีเอ็นเอที่ได้โดยวิธีอิเล็กโตรโฟรีซิส ความเข้มข้นอะกาโรสเจล (agarose gels) 1% ย้อมด้วยเอทีเดียมโบรไมด์ และตรวจสอบด้วยรังสีอัลตราไวโอเล็ต ทำการแยกผลผลิตดีเอ็นเอที่ต้องการโดยใช้ชุดสกัด QiaexII Gel Extraction Kit (QIAGEN Inc.) และตรวจสอบลำดับเบสโดยเครื่อง ABI 377 sequencer (Molecular Dynamics) คำนวณแปลผลที่ได้โดยโปรแกรม Bioedit software, version 7.0.0 วิเคราะห์ลำดับเบสในช่วง 741-1,091 พบว่าลำดับเบสในตำแหน่ง 959 และ 966 ของสุกรลูกผสมและสุกรพื้นเมืองมีความแตกต่างกัน เนื่องจากลำดับเบสของสุกรป่า *Sus scrofa scrofa* (European) ในธนาคารยีนมีลำดับเบสตำแหน่งที่ 959, 966 และ 1015 เป็น T,A,T ตามลำดับ ซึ่งตรงกับสุกรป่าปัจจุบันที่กำลังการศึกษา แต่ต่างกับสุกรลูกผสมที่พบว่ามีลำดับเบสเป็น C,G,C ตามลำดับ ซึ่งตรงกับสุกรการค้าภายในประเทศ ชี้ให้เห็นว่าสุกรลูกผสมมีลำดับเบสที่ต่างไปจากเดิม



ภาพที่ 2.12 เปรียบเทียบลำดับเบสระหว่างสุกรลูกผสมและสุกรป่า *Sus scrofa scrofa*

ที่มา : Grossi *et al.* (2006)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Yang (2003) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองไทย สุกรป่า และสุกรจีน พันธุ์เซียนเปแบลค โดยการเปรียบเทียบลำดับเบสของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ ทำการเก็บตัวอย่างเลือดและปมรากขน สกัดดีเอ็นเอแล้วทำการเพิ่มปริมาณข้อมูลของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ อาศัยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส พบความผันแปรของนิวคลีโอไทด์จำนวน 8 ตำแหน่ง สามารถแยกความแตกต่างของแสบโพลไทป์ได้ 3 แบบคือ HC1, HC2 และ HCS ซึ่งสุกรจากภาคใต้มีแสบโพลไทป์ 1 แบบ (HCS) ตรงกับสุกรจีนพันธุ์เซียนเปแบลค จากการวิเคราะห์แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) แสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้ชิดกับสุกรพื้นเมืองจีนพันธุ์เซียนเปแบลค จึงสามารถอนุมานได้ว่าสุกรพื้นเมืองไทยอาจมีต้นกำเนิดเดียวกันกับสุกรในประเทศจีนตอนใต้และตะวันตกเฉียงใต้

Fajardo *et al.* (2007) ได้ศึกษาความแตกต่างระหว่างสุกรป่ายุโรป (*Sus scrofa scrofa*) และสุกรการค้าภายในประเทศ (*Sus scrofa domestica*) โดยการวิเคราะห์ข้อมูลของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ บริเวณ D-loop ทำการเก็บตัวอย่างชิ้นเนื้อ 15 ตัวอย่างแล้วสกัดดีเอ็นเอ จากนั้นเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอที่ต้องการ โดยอาศัยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส ที่ Forward primer และ Reverse primer เป็น 5'-TACCATGCCGCGTGAAACCA-3' และ 5'-TGACGGCCATNGCTGAGTC-3' ตามลำดับ แล้วทำการตรวจสอบผลผลิตดีเอ็นเอที่ได้โดยวิธีอิเล็กโตรโฟรีซิส ความเข้มข้นอะกาโรสเจล (agarose gels) 1.5% ย้อมด้วยเอทีเคียมโบรไมด์และตรวจสอบด้วยรังสีอัลตราไวโอเล็ต ผลการศึกษาพบว่าลำดับเบสเพียง 1 ตำแหน่งเท่านั้นที่แตกต่างกัน

Hitomi *et al.* (2002) ได้ศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมในไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอในสุกรประเทศเวียดนามและสุกรเอเชีย โดยทำการเก็บตัวอย่างสุกรจำนวน 43 ตัวอย่าง สกัดดีเอ็นเอแล้วทำการเพิ่มปริมาณข้อมูลของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ อาศัยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส ทำการตรวจสอบผลผลิตดีเอ็นเอที่ได้โดยวิธีอิเล็กโตรโฟรีซิสความเข้มข้นอะกาโรสเจล (agarose gels) 1% ย้อมด้วยเอทีเคียมโบรไมด์และตรวจสอบด้วยแสงยูวี โดยตัวอย่างสุกรจะถูกจัดแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มคือ กลุ่มตัวใหญ่และกลุ่มตัวเล็กตามโครงสร้างของร่างกาย เพื่อทำการศึกษาถึง 61 แสบโพลไทป์จากสุกรป่าและสุกรพื้นเมือง ผลการศึกษาพบว่าสุกรเวียดนามที่มีขนาดใหญ่จะมีพันธุกรรมคล้ายกับสุกรป่าพันธุ์ Ryukyu ในพื้นที่ภาคใต้ของประเทศญี่ปุ่น และสุกรเวียดนามที่มีขนาดเล็กจะมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมใกล้ชิดกับสุกรภายในกลุ่มประเทศเอเชียใต้ ผลการศึกษาชี้ให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองเวียดนามมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงและอาจจะมีการสืบเผ่าพันธุ์จากสุกรป่าและสุกรพื้นเมืองอื่นๆของเอเชีย

Paulo *et al.* (2010) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรสุกรป่าพันธุ์ Iberian, Eurasian wild และสุกรภายในประเทศกลุ่มยุโรปตะวันตกเฉียงใต้ โดยทำการเก็บตัวอย่างเนื้อเยื่อและตัวอย่างเลือดจำนวน 129 ตัวอย่าง ครอบคลุมทั้งพื้นที่ สกัดดีเอ็นเอแล้วทำการเพิ่มปริมาณข้อมูลของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอขนาดความยาว 1,244 คู่เบส ตั้งแต่ลำดับที่ 15,390 ถึง 16,634 คู่เบส ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยการใช้ปฏิบัติการลูกโซ่โพลีเมอเรส ผลการศึกษาพบว่าเกิดความแปรปรวนของลำดับเบสขึ้น 24 ตำแหน่ง ประกอบด้วย transitions 22 ตำแหน่ง transversion 1 ตำแหน่งและ insertion/deletion 1 ตำแหน่ง ซึ่งชี้ให้เห็นว่าสุกรในพื้นที่นี้แบ่งออกเป็น 2 พันธุ์คือ พันธุ์ Portuguese และพันธุ์ Bísaro กับ Alentejano และทั้งสองสายพันธุ์มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับสุกรป่า Eurasian

Lin *et al.* (1999) ศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ในสุกร (*Sus scrofa*) โดยอาศัยข้อมูลไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ ซึ่งประกอบไปด้วยลำดับเบส 11,613 คู่เบส แต่ความยาวของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอจะไม่จำเพาะเนื่องจากมีความแปรปรวนของเบสซ้ำ (tandem repeats) ผลการศึกษาพบว่าไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop ตั้งอยู่บนตำแหน่งที่ 1-1,175 มีขนาด 1,176 คู่เบส ซึ่งประกอบด้วยเบส Adenine (A) 34.7%, Guanine (G) 13.3%, Cytocine (C) 26.2% และ Thymine (T) 25.8% ไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ Cytochrome b (cytb) ตั้งอยู่บนตำแหน่งที่ 16,550-16,613 มีขนาด 1,140 คู่เบส โดยมีรหัส ATG ทำหน้าที่เป็นรหัสเริ่มต้นในการสังเคราะห์กรดอะมิโน

Yong *et al.* (1999) ศึกษาความแปรปรวนทางพันธุกรรมจากไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอในสุกรพื้นเมืองจีนและสุกรป่า โดยเก็บตัวอย่างเลือดสุกรจำนวน 29 ตัวอย่าง จากฟาร์มพ่อแม่พันธุ์หรือแหล่งต้นกำเนิดสายพันธุ์ในพื้นที่ต่างๆของประเทศจีน โดยหลีกเลี่ยงตัวอย่างที่มีความสัมพันธ์ทางเครือญาติกัน ทำการสกัดดีเอ็นเอแล้วใช้เอนไซม์ตัดจำเพาะ (restriction enzyme) จำนวน 24 เอนไซม์ คือ BamHI, BglI, BglII, DraI, EcoRI, EcoRV, HaeII, HindIII, HpaI, KpnI, PstI, PvuII, SacI, SalI, ScaI, SmaI, StuI, XbaI, XhoI, ApaI, AvaI, BclI, ClaI, และ PvuI, เพื่อแยกความแตกต่างแล้วแยกดีเอ็นเอที่ต้องการด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส ที่ความเข้มข้นอะกาโรสเจล 0.8-1.2 % ผลการศึกษาพบว่าสุกรพื้นเมืองจีนและสุกรสายพันธุ์ยุโรป มีบรรพบุรุษร่วมกันเมื่อประมาณ 280,000 ปีที่ผ่านมา โดยสุกรป่ามีความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่สูงมาก ซึ่งพบ 4 mitotypes จากทั้งหมด 6 สายพันธุ์ ระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) ชี้ให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองจีนและสุกรสายพันธุ์ยุโรปสามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มสายพันธุ์ได้อย่างชัดเจน ในขณะที่สุกรป่ามีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับสุกรพื้นเมืองจีน

Kim *et al.* (2005) ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสุกรป่า สุกรพื้นเมืองและสุกรเชิงการค้า ทั้งจากทวีปเอเชียและยุโรป ในประเทศเกาหลี จีน ออสเตรเลียและญี่ปุ่น จำนวน 29 พันธุ์ โดยอาศัยข้อมูลไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอจำนวน 1,036 คู่เบส พบว่ามีความแตกต่างของลำดับเบสอยู่ทั้งหมด 54 ตำแหน่ง ข้อมูลความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (phylogenetic tree) สามารถจัดแบ่งสุกรออกได้เป็น 2 กลุ่มชัดเจน คือกลุ่มสุกรจากยุโรปและกลุ่มสุกรเอเชีย โดยสุกรพื้นเมืองในเอเชียมีวิวัฒนาการมาจากสุกรพันธุ์ Ryukyu และสุกรป่าจากประเทศญี่ปุ่น (Japanese wild boar)

Charoensook *et al.* (2008) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรของสุกรพื้นเมืองภาคเหนือประเทศไทยจำนวน 72 ตัวอย่างและสุกรป่า 11 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับสุกรจากทวีปยุโรป โดยวิเคราะห์ข้อมูลของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop ซึ่งพบความแตกต่าง

เอกสารอ้างอิงที่ปรากฏในบทความนี้เป็นเอกสารที่จัดทำขึ้นเพื่อใช้ในการศึกษาวิจัยเท่านั้น ไม่สามารถนำไปใช้

ของลำดับเบสที่สามารถจำแนกตัวอย่างสุกรได้เป็น 24 แสບโพลไทป์ ได้แก่สุกรพื้นเมืองไทย 19 แสບโพลไทป์ สุกรป่า 4 แสບโพลไทป์ และสุกรจากทวีปยุโรป 1 แสບโพลไทป์ระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) ระหว่างประชากรแสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองไทยมีความใกล้ชิดกับสุกรสายพันธุ์อื่นๆในทวีปเอเชีย แต่มีความแตกต่างกับสุกรจากทวีปยุโรป ข้อมูลความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการสรุปได้ว่าสุกรพื้นเมืองไทยมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับสุกรป่าไทย และอาจเป็นบรรพบุรุษของสุกรในเอเชียสายพันธุ์อื่นๆอีกด้วย



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 3

วิธีดำเนินการวิจัย

3.1 ตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษา

คัดเลือกสุกรพื้นเมืองในพื้นที่จังหวัดต่างๆในภาคใต้รวม 76 ตัวอย่าง โดยคัดเลือกตามปริมาณการเลี้ยงสุกรพื้นเมืองดังนี้ สุราษฎร์ธานี 8 ตัว นครศรีธรรมราช 38 ตัว พังงา 16 ตัว ปัตตานี 2 ตัว กระบี่และตรัง 12 ตัวอย่าง ดังแสดงรายละเอียดในภาคผนวก ก แต่เนื่องจากพื้นที่จังหวัดกระบี่และตรังมีพื้นที่ติดต่อกันและมีการเลี้ยงสุกรพื้นเมืองบริเวณรอยต่อจังหวัดอย่างชุกชุม จึงรวมประชากรสุกรพื้นเมืองทั้งสองจังหวัดเข้าด้วยกัน ทำการเก็บข้อมูลประจำตัวสุกรเช่น พื้นที่เก็บตัวอย่าง เบอร์สุกร เพศ น้ำหนัก ลักษณะทางกายภาพเช่นสี ลักษณะใบหู หลัง ท้อง ขา จมูก หน้า จำนวนเต้านม โดยทำการสอบถามเกษตรกรผู้เลี้ยงถึงแหล่งที่มาของสุกรพื้นเมืองที่นำมาเลี้ยงว่ามาจากที่ใด ถ้าหากกลุ่มสุกรใดๆมีที่มาจากแหล่งเดียวกันจะทำการคัดเลือกเพียงหนึ่งตัวอย่างเท่านั้น เพื่อให้สุกรที่คัดเลือกมาเป็นกลุ่มตัวอย่างไม่มีความสัมพันธ์ทางเครือญาติกัน

3.2 อุปกรณ์และสารเคมี

3.2.1 อุปกรณ์

- 1) กระบอกฉีดยา ขนาด 5 มิลลิลิตร และเข็มฉีดยาเบอร์ 18
- 2) หลอดบรรจุเลือด (บรรจุ 10% EDTA) ขนาด 5 มิลลิลิตร
- 3) หลอดใส่สาร (Eppendorf tube) ขนาด 1.5 มิลลิลิตร
- 4) ไมโครปิเปต (Micropipette; Thermo Scientific)
- 5) ตู้ปลอดเชื้อ (Biological Safety Cabinet; Microtech)
- 6) เครื่องชั่งอิเล็กทรอนิกส์ (Digital balancing; Class2-JA2003)
- 7) เตาอบไมโครเวฟ (Microwave; Samsung)
- 8) ตู้เย็นและตู้แช่อุณหภูมิต่ำ -20 องศาเซลเซียส (Freezer; Sanyo)
- 9) เครื่องนึ่งฆ่าเชื้อด้วยความดันไอน้ำ (Autoclave; HICLAVE)
- 10) เครื่องปั่นเหวี่ยง (Microcentrifuge; Micro-one)
- 11) เครื่องผสมสาร (Vortex mixer; Labnet)
- 12) เครื่องอิเล็กโตรโฟรีซิส (Electrophoresis; Vivantis)
- 13) เครื่องพีซีอาร์ (PCR; Biorad)
- 14) เครื่องฉายภาพเจล (UV trans-illuminator; MiniBis Pro)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่เผยแพร่ไว้เพื่อใช้ในการศึกษาวิจัยเท่านั้น ไม่สามารถนำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

15) เครื่องวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ (Automated Genetic Analysis System; Beckman Coulter)

3.2.2 สารเคมี

3.2.2.1 สารเคมีที่ใช้ในขั้นตอนการเก็บตัวอย่างเลือดและการสกัดดีเอ็นเอ

- 1) Guanidine hydrochloride
- 2) Ethylenediaminetetraacetic acid (EDTA)
- 3) Tris-HCl
- 4) Dithiothreitol
- 5) Silicon dioxide
- 6) Isopropanol
- 7) Ethanol
- 8) Sodium chloride
- 9) Ethanol
- 10) Triton X-100

3.2.2.2 สารเคมีที่ใช้ในขั้นตอนการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอเป้าหมาย

- 1) PCR buffer
- 2) เอนไซม์ DNA polymerase
- 3) Deoxynucleoside triphosphate (dNTP)
- 4) Forward primer และ Reverse primer
- 5) Magnesium chloride

3.2.2.3 สารเคมีที่ใช้ในขั้นตอนการแยกและการตรวจสอบแถบดีเอ็นเอ

- 1) Borric acid
- 2) Ethylenediaminetetraacetic acid (EDTA)
- 3) 6X loading dye
- 4) Gene Ruler 100 bp
- 5) 10,000X Gel red stock
- 6) Sample Loading Solution (SLS)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ (7) Size Standard Fragment DNA เท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

8) Agarose gel

3.3 วิธีการ

3.3.1 การเก็บตัวอย่างเลือดสุกร

ใช้เข็มฉีดยาเบอร์ 18 ฉาะเลือดบริเวณเส้นเลือดดำใหญ่ (Jugular vein) จากประชากรสุกรพื้นเมืองในพื้นที่จำนวน 76 ตัวอย่าง ปริมาตร 5-10 มิลลิลิตร ในหลอดบรรจุเลือดที่มีสารป้องกันการแข็งตัวของเลือด (EDTA 10%) จากนั้นนำเลือดไปเก็บรักษาที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส

3.3.2 การสกัดดีเอ็นเอจากเลือดสุกร

วิธีการสกัดดีเอ็นเอจากเลือดดัดแปลงมาจาก Maxim *et al.* (1995)

- 1) เตรียมตัวอย่างเลือด 250 ไมโครลิตร เติม binding Buffer 500 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันด้วยเครื่องผสมสาร นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 5,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 1 นาที แล้ววางบนเครื่องเขย่า 30 นาที เทของเหลวส่วนบนทิ้ง
- 2) เติมสารละลาย GuHCl 500 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันด้วยเครื่องผสมสาร นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 5,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 30 วินาที เทของเหลวส่วนบนทิ้ง
- 3) เติม Propanol wash 500 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันด้วยเครื่องผสมสาร นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 5,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 30 วินาที เทส่วนใสทิ้ง ทำซ้ำสองครั้ง
- 4) เติม 95% EtOH 500 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันด้วยเครื่องผสมสาร นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 5,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 30 วินาที เทส่วนใสทิ้ง ทิ้งไว้ให้แห้งที่ตู้บ่มอุณหภูมิ 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 60 นาที
- 5) เติม TE Buffer หรือ dH₂O 150 ไมโครลิตร บ่มที่อุณหภูมิ 65 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที
- 6) นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 12,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 5 นาที ดึงส่วนใสใส่หลอดใหม่

จากนั้นจึงนำดีเอ็นเอที่สกัดได้ไปตรวจสอบคุณภาพและปริมาณด้วยเทคนิคอิลีคโตรโพรเซส โดยเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอความเข้มข้นมาตรฐาน (λ -DNA) ที่ความเข้มข้น 100, 300, 500 และ 1,000 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร และเก็บรักษาดีเอ็นเอที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส จนกว่าจะใช้งานในขั้นตอนต่อไป

3.3.3 การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยไมโครแซทเทลไลท์

3.3.3.1 การเพิ่มปริมาณไมโครแซทเทลไลท์

นำดีเอ็นเอที่สกัดได้จากตัวอย่างและผ่านขั้นตอนการตรวจสอบคุณภาพและปริมาณด้วยการเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอความเข้มข้นมาตรฐานแล้วมาใช้เป็นดีเอ็นเอต้นแบบในการเพิ่มปริมาณไมโครแซทเทลไลท์ด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส โดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์ไพรมเมอร์ที่มีการติดฉลากฟลูออเรสเซนต์จำนวน 15 ไพรมเมอร์ ตามคำแนะนำของ FAO and ISAG. (2011) ซึ่งมีหลักการในติดฉลากฟลูออเรสเซนต์คือผลผลิตพีซีอาร์ที่มีขนาดใกล้เคียงกันจะติดฉลากสีเดียวกันดังตารางที่ 3.1 โดยทำการสุ่มเลือกไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่งต่างๆทุกโครโมโซมเพื่อให้เกิดความหลากหลายมากที่สุด



ตารางที่ 3.1 โพรเมอร์ที่ใช้ในการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์

Marker Name	Primer (5'->3') Forward ^{1/} Primer (5'->3') Reward	Ta ^{2/} (°C)	Size ^{3/} (bp)	Dye ^{4/}	Chromosome ^{5/}
S0090	CCAAGACTGCCTTGTAGGTGAATA GCTATCAAGTATTGTACCATTAGG	55	252	D2	12
IGF1	GCTTGGATGGACCATGTTG CATATTTTCTGCATAACTTGAACCT	55	181	D3	5
S0026	AACCTTCCCTTCCCAATCAC CACAGACTGCTTTTACTCC	55	-	D4	16
S0226	GCACTTTAACTTTCATGATACTCC GGTTAAACTTTTNCCTCAATACA	55	226	D2	2
S0155	TGTTCTCTGTTTCTCTCTGTTG AAAGTGGAAAGAGTCAATGGCTAT	55	121	D3	1
S0178	TAGCCTGGAACTCCACACGCTG GGCACCAGGAATCTGCAATCCAGT	60	-	D4	8
S0228	GGCATAGGCTGGCAGCAACA AGCCACCTCATCTTATCTACACT	55	227	D2	6
SW2008	CAGGCCAGAGTAGCGTGC CAGTCCTCCAAAAATAACATG	55	100	D4	11
S0218	GTGTAGGCTGGCGTGTGT CCCTGAAACCTAAAGCAAAG	55	181	D3	X
SW936	TCTGGAGCTAGCATAAGTGCC GTGCAAGTACACATGCAGGG	55	110	D4	15
SW632	TGGGTTGAAAGATTCCCAA GGAGTCAGTACTTTGGCTTGA	55	152	D3	7
S0143	ACTCACAGCTTGCCTGGGTGT CAGTCAGCAGGCTGACAAAAAC	55	-	D2	12
SW240	AGAAATTAGTGCCTCAAATTGG AAACCATTAAGTCCCTAGCAA	55	100	D4	2
SW857	TGAGAGGTCAGTTACAGAAGACC GATCCTCCTCCAAATCCCAT	55	157	D3	14
SW2406	AATGTACCTTTAAGACGTGGG AATGCGAACTCCTGAATTAGC	60	227	D2	6

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ไว้สำหรับใช้ในกิจการการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- ^{1/}ไพรเมอร์ที่มีการติดฉลากฟลูออเรสเซนต์ (fluorescent dye color)
^{2/}อุณหภูมิที่เหมาะสมกับการที่ไพรเมอร์จะเข้าจับกับดีเอ็นเอต้นแบบ
^{3/}ขนาดของผลผลิตที่ได้จากการเพิ่มปริมาณด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่พีซีอาร์
^{4/}ฉลากฟลูออเรสเซนต์สีต่างๆ โดย D2 คือดำ D3 คือสีเขียว และ D4 คือสีน้ำเงิน
^{5/}หมายเลข โครโมโซมที่ตั้งไมโครแซทเทลไลท์

การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอโดยการใช้เทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส เริ่มจากการผสมส่วนประกอบของปฏิกิริยาในหลอดพีซีอาร์ขนาด 0.2 มิลลิลิตร ดังส่วนประกอบที่แสดงในตารางที่ 3.2 เนื่องจากในการทำแต่ละครั้งต้องทำหลายตัวอย่างพร้อมกัน จึงต้องผสมส่วนประกอบลงในหลอดเดียวกัน (master mix) แล้วจึงแบ่งใส่หลอดพีซีอาร์แต่ละหลอด จากนั้นเติมดีเอ็นเอต้นแบบความเข้มข้น 10 นาโนกรัม ปริมาตร 1 ไมโครลิตร เขย่าให้เข้ากันแล้วจึงนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 5,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 วินาที นำส่วนผสมดังกล่าวเข้าเครื่องพีซีอาร์

ตารางที่ 3.2 แสดงส่วนประกอบของปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรสในไมโครแซทเทลไลท์

สาร	ความเข้มข้นสุดท้าย	ปริมาตร (ไมโครลิตร)
5X Buffer	1 X	2.0
25 mM MgCl ₂	2 mM	0.8
2 mM dNTP	200 μM	1.0
5 μM forward primer	0.2 μM	0.4
5 μM reward primer	0.2 μM	0.4
5 U Taq DNA polymerase	0.25 U	0.05
10 ng/μl DNA template	10 ng	1.0
dH ₂ O		4.35
รวม		10

การทำปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรสโดยใช้เครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมอัตโนมัติ ก่อนการทำงานของปฏิกิริยา กำหนดอุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 5 นาที เพื่อเตรียมดีเอ็นเอต้นแบบให้แยกเป็นดีเอ็นเอสายเดี่ยวอย่างสมบูรณ์ จากนั้นเริ่มปฏิกิริยาลูกโซ่ จำนวน 35 รอบตามวงจรที่อุณหภูมิต่างๆกัน คือ อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที เพื่อให้ดีเอ็นเอเสียสภาพแยกเป็นสายเดี่ยว (denaturation) จากนั้นลดอุณหภูมิลงในช่วง 55-60 องศาเซลเซียส เป็นช่วงอุณหภูมิที่เหมาะสมสำหรับการที่ไพรเมอร์จะเข้าจับกับดีเอ็นเอต้นแบบ (primer annealing) ซึ่งอุณหภูมิจะแตกต่างกันไปในแต่ละไพรเมอร์ (Ta) ดังแสดงในตารางที่ 3.1 นาน 45 วินาที และเพิ่มค่า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

อุณหภูมิขึ้นที่ระดับ 72 องศาเซลเซียส นาน 45 วินาที เพื่อให้มีการเพิ่มจำนวนเบสจากการจับกับตัวอย่างที่เหมาะสมของแต่ละไพรเมอร์และดีเอ็นเอต้นแบบ (primer extension) เมื่อปฏิกิริยาถูกโซทำงานครบ 35 รอบ ก่อนสิ้นสุดปฏิกิริยา ให้คงอุณหภูมิที่ 72 องศาเซลเซียส นาน 5 นาที จำนวน 1 รอบ (final extension) เป็นขั้นตอนที่ทำปฏิกิริยาถูกโซเสร็จสมบูรณ์ เก็บรักษาผลผลิตพีซีอาร์ (amplified หรือ PCR product) ที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส

3.3.3.2 การตรวจสอบและแยกขนาดดีเอ็นเอจากผลผลิตพีซีอาร์

ก่อนการแยกขนาดดีเอ็นเอต้องทำการตรวจสอบคุณภาพผลผลิตพีซีอาร์ด้วยเทคนิคอะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส โดยใช้ผลผลิตพีซีอาร์ปริมาตร 2 ไมโครลิตรผสมกับ 100X GelRed และ 6X loading dye อัตราส่วน 1:1 ปริมาตร 5 ไมโครลิตร แล้วจึงหยอดลงบนอะกาโรสเจลความเข้มข้น 2% เปรียบเทียบกับแถบดีเอ็นเอมาตรฐาน (DNA ladder) ขนาด 100 คู่เบส ปริมาตร 2 ไมโครลิตร กำหนดความต่างศักย์ไฟฟ้าที่ 120 โวลต์ เป็นเวลา 40 นาที แล้วจึงตรวจสอบแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่อง UV trans-illuminator

เมื่อทำการตรวจสอบคุณภาพของผลผลิตพีซีอาร์เสร็จแล้วจึงนำผลผลิตพีซีอาร์ดังกล่าวมาทำการแยกขนาดดีเอ็นเอด้วยเครื่องวิเคราะห์ที่แถบดีเอ็นเออัตโนมัติ Automated genetic analysis system ยี่ห้อ : Beckman Coulter รุ่น CEQ 8000 ดังภาพที่ 3.1 โดยการนำผลผลิตพีซีอาร์มาแยกผ่าน capillary acrylamide gel electrophoresis ใช้หลักการของการติดตามแสง fluorescence ประมวลผลเป็นกราฟระหว่างความยาวของดีเอ็นเอและ dye signal



ภาพที่ 3.1 เครื่อง Automated genetic analysis system ยี่ห้อ : Beckman Coulter รุ่น CEQ 8000

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การตรวจสอบแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่องวิเคราะห์แถบดีเอ็นเออัตโนมัติ Automated genetic analysis system ต้องทำการจัดกลุ่มผลผลิตพีซีอาร์ออกเป็นกลุ่มๆ กลุ่มละ 3 ไพรมเมอร์ เนื่องจาก 1 หลุมของเครื่องวิเคราะห์แถบดีเอ็นเออัตโนมัติสามารถตรวจสอบได้ครั้งละ 3 ไพรมเมอร์ ดังนั้นในแต่ละหลุมจึงประกอบด้วยผลผลิตพีซีอาร์จากไพรมเมอร์ที่ติดฉลากฟลูออเรสเซนต์ D2 (สีดำ), D3 (สีเขียว) และ D4 (สีน้ำเงิน) อย่างละ 1 ไพรมเมอร์ โดยทำการเตรียมส่วนประกอบสำหรับการตรวจสอบดังตารางที่ 3.3

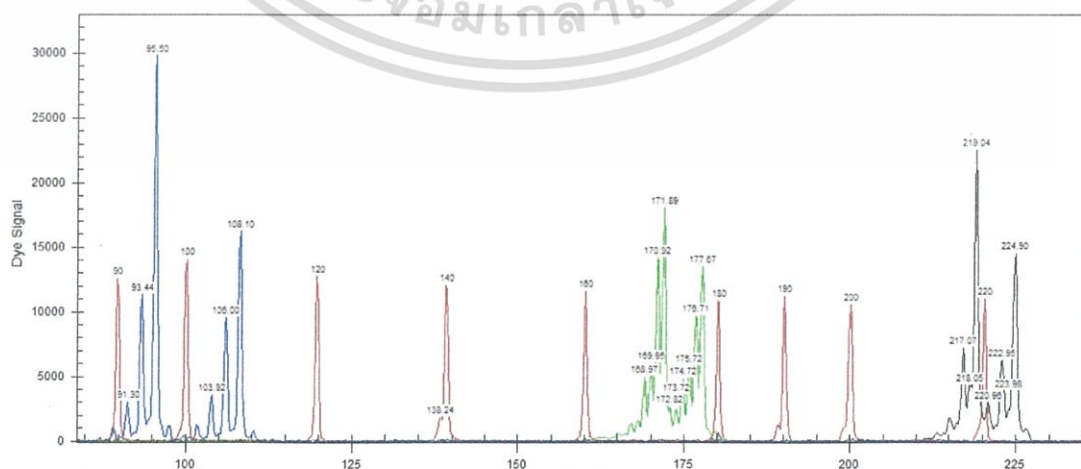
ตารางที่ 3.3 ส่วนประกอบสำหรับการตรวจสอบแถบดีเอ็นเอ

ส่วนประกอบ	ปริมาตร (ไมโครลิตร)
Sample Loading Solution (SLS)	8.5
Size Standard	0.5
ผลผลิตพีซีอาร์ที่ติดฉลากฟลูออเรสเซนต์ D2	6.0
ผลผลิตพีซีอาร์ที่ติดฉลากฟลูออเรสเซนต์ D3	3.0
ผลผลิตพีซีอาร์ที่ติดฉลากฟลูออเรสเซนต์ D4	2.0
รวม	20.0

3.3.3.3 การวิเคราะห์ข้อมูลไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอ

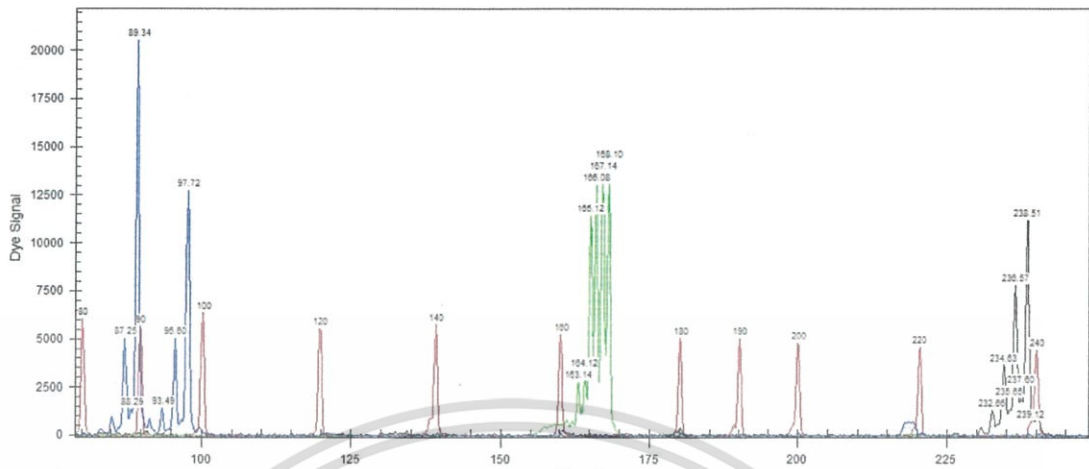
3.3.3.3.1 การจัดเตรียมข้อมูล

ข้อมูลที่ได้จากการวิเคราะห์แถบดีเอ็นเอด้วยเครื่องวิเคราะห์แถบดีเอ็นเออัตโนมัติจะแสดงเป็นกราฟระหว่างความยาวของดีเอ็นเอแกน X และ dye signal แกน Y นำข้อมูลดังกล่าวมาทำการวิเคราะห์กราฟเพื่อแปลข้อมูลให้อยู่ในรูปของจีโนไทป์ (genotype) ด้วยโปรแกรม Genome Lap System

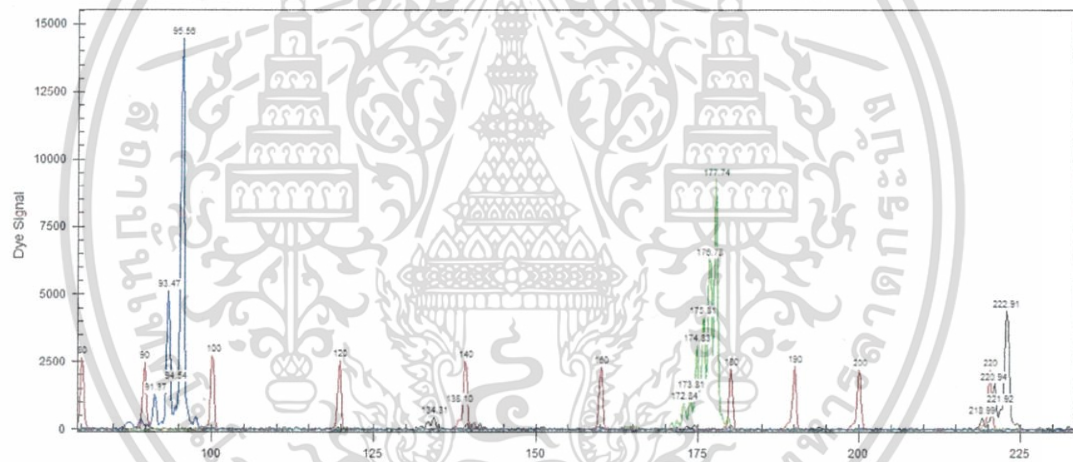


ภาพที่ 3.2 กราฟที่เกิดจากสุกรหมายเลข 1 กับไพรมเมอร์ S0228 (สีดำ), S0218 (สีเขียว), SW2008

(สีน้ำเงิน) เปรียบเทียบกับดีเอ็นเอขนาดมาตรฐาน (สีแดง)
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



ภาพที่ 3.3 กราฟที่เกิดจากสุกรมายเลข 2 กับไพรเมอร์ S0228 (สีดำ), S0218 (สีเขียว), SW2008 (สีน้ำเงิน) เปรียบเทียบกับดีเอ็นเอขนาดมาตรฐาน (สีแดง)



ภาพที่ 3.4 กราฟที่เกิดจากสุกรมายเลข 3 กับไพรเมอร์ S0228 (สีดำ), S0218 (สีเขียว), SW2008 (สีน้ำเงิน) เปรียบเทียบกับดีเอ็นเอขนาดมาตรฐาน (สีแดง)

ตารางที่ 3.4 ตัวอย่างการแปลงข้อมูลจากกราฟที่เกิดขึ้นที่โลคัสที่ 1 เป็นข้อมูลจีโนไทป์

อัลลีล	ขนาด (bp)	ข้อมูลจีโนไทป์ที่โลคัสที่ 1 (SW2008)		
		ตัวอย่างที่ 1	ตัวอย่างที่ 2	ตัวอย่างที่ 3
A	90		/	
B	95	/		//
C	98	BD	AC	BB
D	108	/		

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.5 ตัวอย่างการแปลงข้อมูลจากกราฟที่เกิดขึ้นที่โลคัสที่ 2 เป็นข้อมูลจีโนไทป์

อัลลีล	ขนาด (bp)	ข้อมูลจีโนไทป์ที่โลคัสที่ 2 (S0228)		
		ตัวอย่างที่ 1	ตัวอย่างที่ 2	ตัวอย่างที่ 3
A	168		//	
B	172	/	BC	AA CC
C	178	/		//

ตารางที่ 3.6 ตัวอย่างการแปลงข้อมูลจากกราฟที่เกิดขึ้นที่โลคัสที่ 3 เป็นข้อมูลจีโนไทป์

อัลลีล	ขนาด (bp)	ข้อมูลจีโนไทป์ที่โลคัสที่ 3 (S0228)		
		ตัวอย่างที่ 1	ตัวอย่างที่ 2	ตัวอย่างที่ 3
A	219	/		
B	223			//
C	225	/	AC	DD BB
D	239		//	

เงื่อนไขในการพิจารณาข้อมูลจากกราฟเป็นข้อมูลจีโนไทป์ ในกรณีที่กราฟมีฐานกราฟร่วมกันเป็นฐานเดียวแต่มีกราฟหลายยอด จะเลือกเฉพาะกราฟที่สูงที่สุดเพียงหนึ่งกราฟเท่านั้น โดยกราฟที่เป็นไหล่กราฟเล็กๆด้านข้างจะไม่นำมาพิจารณา

3.3.3.3.2 การวิเคราะห์ค่าทางพันธุกรรม

นำข้อมูลจีโนไทป์มาทำการคำนวณค่าต่างๆดังต่อไปนี้ด้วยโปรแกรม POPGENE version 1.32 (Yeh *et al.* 1999) ดังนี้

1) ความถี่ของอัลลีล (allele frequency) เป็นการคำนวณความถี่ของอัลลีลใดๆในแต่ละโลคัสสำหรับแต่ละประชากร

2) จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัส (Number of alleles per locus, N) ในแต่ละประชากร โดยหากมีค่าเข้าใกล้ 1 แสดงให้เห็นว่าประชากรนั้นๆมีความหลากหลายของอัลลีลในระดับสูงจึงส่งผลให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมมีค่าสูง

3) เปอร์เซนต์โพลิมอร์ฟิซึม (percentage of polymorphic loci, P) เป็นการวัดความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยคิดจากสัดส่วนของตำแหน่งที่มีการเปลี่ยนแปลงของดีเอ็นเอ ถ้ามีค่าเข้าใกล้ 100

เปอร์เซนต์แสดงให้เห็นว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมมีค่าสูง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4) ค่าเฮเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกต (observed heterozygosity, H_o) จำนวนในแต่ละโลคัสสำหรับแต่ละประชากรและจำนวนค่าเฮเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยต่อโลคัส (\bar{H}_o) สำหรับแต่ละประชากร ซึ่งเป็นการวัดความหลากหลายทางพันธุกรรมจากค่าสัดส่วนของเฮเทอโรไซโกตที่ตรวจพบ โดยคิดสัดส่วนระหว่างจำนวนสมาชิกที่เป็นเฮเทอโรไซโกตต่อจำนวนสมาชิกทั้งหมด หากมีค่าเข้าใกล้ 1 แสดงให้เห็นว่าประชากรมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงแต่หากเข้าใกล้ 0 แสดงให้เห็นว่าประชากรมีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำ

5) ค่าเฮเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎี (expected heterozygosity, H_e) จำนวนในแต่ละโลคัสสำหรับแต่ละประชากรและจำนวนค่าเฮเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยต่อโลคัส (\bar{H}_e) ซึ่งเป็นการวัดความหลากหลายทางพันธุกรรมจากสัดส่วนของค่าความถี่ของอัลลีลต่างๆต่อจำนวนตัวอย่างทั้งหมด หากมีค่าเข้าใกล้ 1 แสดงให้เห็นว่าประชากรมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงแต่หากเข้าใกล้ 0 แสดงให้เห็นว่าประชากรมีความหลากหลายทางพันธุกรรมต่ำ

6) F_{is} เป็นการวัดอัตราการผสมเลือดชิดหรือความเบี่ยงเบนของแต่ละตัวอย่าง เปรียบเทียบกับตัวอย่างอื่นๆในประชากรย่อย อาจมีค่าระหว่าง -1 ถึง +1 โดยหากค่าที่ได้มีค่าเข้าใกล้ -1 แสดงให้เห็นว่าในแต่ละตัวอย่างมีอัตราการผสมเลือดชิดในระดับต่ำ แต่หากมีค่าเข้าใกล้ +1 แสดงให้เห็นว่าแต่ละตัวอย่างมีอัตราการผสมเลือดชิดในระดับสูง

7) ระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) เป็นค่าที่แสดงความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากร ถ้าในแต่ละประชากรมีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมในระดับสูงแสดงให้เห็นว่าประชากรกลุ่มนั้นๆ มีความแตกต่างทางพันธุกรรมกันมาก แต่ถ้ามีย่าน้อยแสดงว่ามีความคล้ายคลึงกันทางพันธุกรรม

8) ความสมดุลของยีนตามกฎของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg Equilibrium) ที่กล่าวว่า “ถ้าไม่มีแรงรบกวนเข้ามาภายในประชากร ความถี่ของอัลลีลของยีนและจีโนไทป์จะคงที่” โดยทำการเปรียบเทียบค่าความแตกต่างระหว่างค่าเฮเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตและค่าเฮเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎี โดยทำการทดสอบไคสแควร์ที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซนต์แล้วพิจารณาค่า p-value หากพบว่ามีค่าแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p < 0.05$) แสดงให้เห็นว่าประชากรไม่เข้าสู่สภาพสมดุลของยีน คือมีอัตราการอพยพย้ายถิ่น (migration) การคัดเลือก (selection) และการกลายของยีน (mutation) ในระดับสูง

3.3.3.3 การสร้างความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (phylogenetic tree)

นำข้อมูลระยะห่างทางพันธุกรรมมาสร้างแผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ โดยวิธี UPGMA (Unweighted pair group method with arithmetic mean) โดยใช้โปรแกรม NEIGHBOR ของ PHYLIP version 3.5c (Felsenstein, 1993)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.3.4 การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ด้วยเทคนิค- ไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอ

3.3.4.1 การเพิ่มปริมาณไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop ด้วยเทคนิค- ปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส

คัดเลือกตัวอย่างสุกรพื้นเมืองโดยให้ครอบคลุมทุกพื้นที่ทั้งจากจังหวัด-
สุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช พังงา ปัตตานี กระบี่และตรัง จำนวน 25 ตัวอย่าง (หมายเลข 1, 3, 5,
7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 53, 55, 57, 59 และ 61) จากสุกร
ทั้งหมด 76 ตัวอย่างมาเป็นตัวแทนในการศึกษา ทำการสกัดดีเอ็นเอจากเลือดและเพิ่มปริมาณ ไมโต
คอนเดรียล- ดีเอ็นเอโดยการใช้นิวคลีโอไทด์สังเคราะห์ด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส เริ่มจากการผสมส่วนประกอบ
ของปฏิกิริยาลงในหลอดพีซีอาร์ขนาด 0.2 มิลลิลิตร ดังส่วนประกอบในตารางที่ 3.7 เนื่องจากต้อง
ทำหลายตัวอย่างพร้อมกัน จึงต้องผสมส่วนประกอบลงในหลอดเดียวกัน (master mix) แล้วจึงแบ่ง
ใส่หลอดพีซีอาร์แต่ละหลอด จากนั้นเติมดีเอ็นเอต้นแบบความเข้มข้น 100 นาโนกรัม ปริมาตร 1
ไมโครลิตร เขย่าให้เข้ากันแล้วจึงนำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 5,000 รอบต่อนาที เป็นเวลา 10 วินาที
นำส่วนผสมดังกล่าวเข้าเครื่องพีซีอาร์ โดยโปรแกรมสองเส้น (Kim *et al.* 2002) คือ

Dloop-F 5'-CCAAGACTCAAGGAAGGAGA-3'

Dloop-R 5'-GGCGCGGATACTTGCATGTG-3'

ตารางที่ 3.7 แสดงส่วนประกอบของปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรสในไมโตคอนเดรียลดีเอ็นเอ

สาร	ความเข้มข้นสุดท้าย	ปริมาตร (ไมโครลิตร)
5X Buffer	1 X	2.0
25 mM MgCl ₂	1.5 mM	0.6
2 mM dNTP	0.1 mM	1.0
5 μM forward primer	0.2 mM	0.4
5 μM reward primer	0.2 mM	0.4
5 U Taq DNA polymerase	1.0 U	0.05
100 ng/μl DNA template	100 ng	1.0
dH ₂ O	-	4.55
รวม		10

การเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ ใช้ปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรสด้วยเครื่องเพิ่มปริมาณ
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ในการค้า
สารพันธุกรรมอัตโนมัติ ก่อนการทำงานของปฏิกิริยา กำหนดอุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

5 นาที เพื่อเตรียมดีเอ็นเอต้นแบบให้แยกเป็นดีเอ็นเอสายเดี่ยวอย่างสมบูรณ์ จากนั้นเริ่มปฏิกิริยา ลูกโซ่ จำนวน 35 รอบตามวงจรที่อุณหภูมิต่างๆกัน คือ อุณหภูมิ 94 องศาเซลเซียส นาน 30 วินาที เพื่อให้ดีเอ็นเอเสียสภาพแยกเป็นสายเดี่ยว จากนั้นลดอุณหภูมิลงเป็น 58 องศาเซลเซียส ซึ่งเป็นอุณหภูมิที่เหมาะสมสำหรับการที่ไพรเมอร์จะเข้าจับกับดีเอ็นเอต้นแบบนาน 30 วินาที และเพิ่มอุณหภูมิขึ้นที่ระดับ 72 องศาเซลเซียส นาน 90 วินาที เพื่อให้มีการเพิ่มจำนวนเบสจากการจับตัวอย่างเหมาะสมของแต่ละไพรเมอร์และดีเอ็นเอต้นแบบ เมื่อปฏิกิริยาลูกโซ่ทำงานครบ 35 รอบ ก่อนสิ้นสุดปฏิกิริยา ให้คงอุณหภูมิที่ 72 องศาเซลเซียส นาน 4 นาที จำนวน 1 รอบเป็นขั้นตอนที่ทำปฏิกิริยาลูกโซ่เสร็จสมบูรณ์ เก็บรักษาผลผลิตพีซีอาร์ที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส

3.3.4.2 การตรวจสอบผลผลิตพีซีอาร์ของไมโตคอนเดรียดีเอ็นเอ

ก่อนการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์บนสายดีเอ็นเอต้องทำการตรวจสอบขนาดผลผลิตพีซีอาร์และความเข้มข้นด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส โดยใช้ผลผลิตพีซีอาร์ปริมาตร 2 ไมโครลิตรผสมกับ 100X GelRed และ 6X loading dye อัตราส่วน 1:1 ปริมาตร 5 ไมโครลิตร แล้วจึงหยอดลงบนอะกาโรสเจลความเข้มข้น 1% เปรียบเทียบกับแถบดีเอ็นเอมาตรฐานขนาด 100 คู่เบส ปริมาตร 2 ไมโครลิตร กำหนดความต่างศักย์ไฟฟ้าที่ 120 โวลต์ เป็นเวลา 40 นาที แล้วจึงตรวจสอบแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่องถ่ายภาพเจล

3.3.4.3 การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์

ผลผลิตพีซีอาร์ที่ผ่านการตรวจสอบขนาดและความเข้มข้นด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิสแล้วจะถูกลงไปวิเคราะห์หาลำดับเบส โดยบริษัทแมคโครเจน จำกัด ประเทศเกาหลีใต้ โดยผลผลิตพีซีอาร์ที่ส่งไปวิเคราะห์ต้องมีความเข้มข้นไม่น้อย 100 นาโนกรัม/ไมโครลิตร ปริมาตร 45 ไมโครลิตร พร้อมด้วยไพรเมอร์ทั้งสองชนิดที่ความเข้มข้น 10 นาโนกรัม/ไมโครลิตร ปริมาตร 20 ไมโครลิตร

3.3.4.4 การวิเคราะห์ข้อมูลไมโตคอนเดรียดีเอ็นเอ

1) การเปรียบเทียบลำดับเบส (multiple sequence alignment)

การวิเคราะห์ข้อมูลไมโตคอนเดรียดีเอ็นเอบริเวณ D-loop โดยการตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์จากโครมาโตแกรม (chromatogram) ด้วยตาเปล่าเพื่อให้ได้ลำดับนิวคลีโอไทด์ขนาด 1,400 คู่เบสและมีความถูกต้องมากที่สุด ทำการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ของไทยกับสุกรจากประเทศในแถบเอเชียและยุโรปที่ปรากฏในฐานข้อมูล ได้แก่ ประเทศจีน (KC469586.1, AM040648.1) ไต้หวัน (KF601700.1) เกาหลี (AY534288.1, DQ207755.1) ญี่ปุ่น

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

(AB015084.1, AB015087.1) และสุกรเชิงการค้าจากทวีปยุโรป (AB041489.1, AB041492.1, AB041496.1, AB015094.1) ทำการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BioEdit 7.0 (Hall, 2007)

2) ระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance)

วิเคราะห์อัตราการเปลี่ยนแปลงของรหัสพันธุกรรมบนไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ของไทยกับสุกรป่าและสุกรพันธุ์อื่นๆจากต่างประเทศ ในฐานข้อมูล GenBank วิเคราะห์ด้วยคำสั่ง DNADIST version 3.5c (Felsenstein, 1993) ในโปรแกรมสำเร็จรูป BioEdit version 7.0 (Hall, 2007) โดยใช้ The Kimura 2-parameter model

3) แผนภาพความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (phylogenetic tree)

นำข้อมูลที่ได้จากการเปรียบเทียบลำดับความเหมือนของลำดับเบสระหว่างสุกรพื้นเมืองภาคใต้ของไทยและสุกรพื้นเมืองจากประเทศต่างๆมาทำการวิเคราะห์โดยวิธี Neighbor joining/Unweighted pair method with arithmetic mean (NJ/UPGMA) ด้วยโปรแกรม MEGA 7.0 กำหนดให้ค่า Bootstrap test = 1000 (Nei and Kumar, 2000)



บทที่ 4

ผลการทดลองและวิจารณ์

4.1 ผลการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์

4.1.1 การตรวจสอบแถบไมโครแซทเทลไลท์

เมื่อนำตัวอย่างเลือดสุกรพื้นเมืองภาคใต้ ได้แก่ จังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช กระบี่ ตรัง พังงา และปัตตานี มาทำการสกัดดีเอ็นเอตามวิธีการที่ดัดแปลงมาจาก Maxim *et al.* (1995) พบว่าวิธีการดังกล่าวสามารถสกัดดีเอ็นเอได้อย่างมีประสิทธิภาพและเป็นดีเอ็นเอที่มีคุณภาพดีโดยใช้ตัวอย่างเลือดเพียงเล็กน้อย ดีเอ็นเอที่ได้มีความเข้มข้นประมาณ 300-500 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร ซึ่งจะนำไปใช้ในการตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์ต่อไป โดยการศึกษานี้จะตรวจสอบไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 15 โลไซ ทำการเพิ่มปริมาณชิ้นดีเอ็นเอโดยใช้เทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรสตรวจสอบผลผลิตดีเอ็นเอด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิสอะกาโรสเจลและแยกขนาดดีเอ็นเอเพื่อทำการตรวจสอบแถบของดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นจากไมโครแซทเทลไลท์ด้วยเครื่องวิเคราะห์แถบดีเอ็นเออัตโนมัติ พบว่าสามารถตรวจสอบแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นทั้ง 15 โลไซได้ โดยมีแถบดีเอ็นเอบางส่วนไม่ได้มีลักษณะเป็นกราฟยอดเดี่ยวหรือไม่ได้เป็นกราฟแบบ single band แต่มีกราฟเล็กๆเกิดขึ้นบริเวณข้างๆหลายกราฟติดต่อกัน (ladder band) ซึ่งกราฟเล็กๆที่เกิดขึ้นนี้เรียกว่า stutter band เป็นกราฟที่สามารถพบได้ทั่วไปจากการตรวจสอบแถบดีเอ็นเอบริเวณที่เป็นไมโครแซทเทลไลท์ (ปิยะมาศ การสมดี. 2542 ; จุฑารัตน์ จันทบูรณ์. 2544) โดยอาจเป็นผลมาจากความผิดพลาดที่เกิดขึ้นจากการทำงานของเอนไซม์ดีเอ็นเอโพลีเมอร์เรซ ซึ่งมีสาเหตุมาจากอุณหภูมิและปัจจัยอื่นๆที่เกิดขึ้นในขั้นตอนของการแยกขนาดของดีเอ็นเอด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส (Williams *et al.* 1990) ในการศึกษาจำนวนอัลลีลต่อโลคัส พบว่าจำนวนอัลลีลในแต่ละโลคัสสำหรับในทุกประชากรที่ศึกษาอยู่ในช่วงระหว่าง 4-13 อัลลีล จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสสำหรับในทุกประชากรคือ 9.13 ซึ่งใกล้เคียงกับผลการศึกษาของ Chaiwatanasin *et al.* (2002) ที่เลือกใช้ไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 15 โลไซ คือ S001, S0010, S0086, S0107, S0151, S0227, S0352, SW957, SW1066, ATP2, IGF1, TNFB, PgHAS, SS13N17R และ SS13R44R และ Chaweewan *et al.* (2014) ที่เลือกใช้ไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 10 โลไซ คือ IGF1, S0090, S0155, S0178, S0215, S0218, S0225, S0226, S0227, S0228 พบว่าสุกรพื้นเมืองประเทศไทยจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสเท่ากับ 8.86 และ 7.8 ตามลำดับ ขณะเดียวกัน พนิช คำรบธนสาร. (2002) ที่เลือกใช้ไมโครแซทเทลไลท์จำนวน 17 โลไซ คือ DAGK, OPN, IGF1, PgHAS, PIGS0085X, S0227, S0097, S0010, SW957, SW2429, SSC133243, S0001, SSU24283, SSS0313, SSMDNAX7, SS13NO5R และ PIGREPD

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

และ Yang *et al.* (2012) ที่เลือกใช้ไมโครแซทเทลไลต์จำนวน 12 โลโซ คือ S0227, S0090, S0226, S0005, S0068, S0225, S0155, SW122, S0355, S0386, SW911, SW24 พบจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสเท่ากับ 4.58 และ 5.19 ตามลำดับและเมื่อเปรียบเทียบจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสของประชากรสุกรพื้นเมืองจากประเทศอื่นๆ เช่น สุกรพื้นเมืองประเทศไต้หวันพันธุ์ Lanyu (Chang *et al.* 2012) ที่เลือกใช้ไมโครแซทเทลไลต์จำนวน 19 โลโซ คือ SW857, IGF1, S0155, S0005, SW911, S0068, S0002, S0228, SW024, S0227, SW72, S0218, S0355, SW122, S0225, S0226, SW951, S0215 และ S0386 สุกรพื้นเมืองประเทศโปรตุเกส (Vicente *et al.* 2008) ที่เลือกใช้ไมโครแซทเทลไลต์จำนวน 9 โลโซ คือ SW632, S0101, S0068, S0225, S0226, S0228, S0026, S0005, S0178 สุกรพื้นเมืองประเทศฟิลิปปินส์และสุกรพื้นเมืองจีนพันธุ์ Qianbei Blank (Yang *et al.* 2012) ที่เลือกใช้ไมโครแซทเทลไลต์จำนวน 12 โลโซ คือ S0227, S0090, S0226, S0005, S0068, S0225, S0155, SW122, S0355, S0386, SW911, SW24 ซึ่งมีค่า 3.74, 4.33, 4.2 และ 5.97 ตามลำดับ ซึ่งมีค่าน้อยกว่าการศึกษาในครั้งนี้น้อยกว่ามากอาจเป็นผลมาจากในแต่ละการศึกษาจะมีการสุ่มเลือกตำแหน่งของไมโครแซทเทลไลต์ที่โลโซต่างกันจึงส่งผลต่อจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัส อีกทั้งการศึกษาในครั้งนี้อาศัยการตรวจสอบแถบของไมโครแซทเทลไลต์ด้วยเครื่องอัตโนมัติที่สามารถแยกความแตกต่างของจีนตีเอ็นเอแม้จะมีขนาดแตกต่างกันเพียงหนึ่งเบสเท่านั้น ทำให้การศึกษาในครั้งมีจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสที่สูงกว่าการศึกษาข้างต้น

4.1.2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร

4.1.2.1 จำนวนอัลลีลในแต่ละโลคัส

จำนวนอัลลีลในแต่ละโลคัสสำหรับทุกประชากรที่ศึกษามีความผันแปรอยู่ระหว่าง 4-13 อัลลีล ที่โลคัส S0026 มีจำนวนอัลลีลน้อยที่สุดและที่โลคัส S0155 มีจำนวนอัลลีลมากที่สุด จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสสำหรับทุกประชากรคือ 9.13

เมื่อทำการแปลงข้อมูลจากกราฟดิเอ็นเอที่เกิดขึ้นให้เป็นข้อมูลจีโนไทป์และนำไปคำนวณจะได้ข้อมูลความถี่ของอัลลีล ซึ่งจะนำไปใช้สำหรับการคำนวณค่าแสดงความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรและความหลากหลายระหว่างประชากร โดยค่าความถี่ของอัลลีลในแต่ละโลคัสของประชากรต่างๆที่ศึกษาแสดงไว้ในภาคผนวก ค สำหรับการทดสอบการเข้าสู่สภาพความสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ เมื่อพิจารณาค่า p-value พบว่าทุกโลคัสไม่เข้าสู่สภาพสมดุลของฮาร์ดี (แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ) ยกเว้น โลคัส SW632 แสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้มีอัตราการคัดเลือก การกลายของฮาร์ดีและการอพยพย้ายถิ่นในระดับสูง ซึ่งอาจมีสาเหตุมาจากการที่เกษตรกรมีการนำสุกรพื้นเมือง

จากต่างพื้นเมืองเข้ามาเลี้ยง มีการผสมระหว่างสุกรในพื้นที่เมืองอย่างอิสระจึงส่งผลให้โลคัสส่วน
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ใหญ่ไม่เข้าสู่สภาพสมดุลของยีน สอดคล้องกับค่า Fis พบว่ามีค่าเฉลี่ยเท่ากับ -0.0355 ซึ่งมีค่าก่อนข้างน้อยดังแสดงในตารางที่ 4.1 แสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้มีอัตราการผสมเลือดชิดภายในกลุ่มประชากรอยู่ในระดับต่ำ จากข้อมูลนี้ชี้ให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองภาคใตียังมีความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับสูงและยังคงรักษาความเป็นเอกลักษณ์ของสายพันธุ์ไว้ได้ จึงเหมาะแก่การเก็บรักษาเป็นแหล่งพันธุกรรมต่อไป

ตารางที่ 4.1 จำนวนอัลลีลในแต่ละโลคัส ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกต ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎี ค่า Fis และค่า p-value (Hardy-Weinberg Equilibrium)

โลคัส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีเฉลี่ย		Fis	Chi-square	DF	P-value
		จากการสังเกต	จากทฤษฎี				
S0090	7	0.9865	0.8094	-0.3328	70.1606	21	0.0000
IGF1	11	0.8421	0.8254	-0.0949	77.8031	55	0.0232
S0026	4	0.5000	0.6210	0.1200	32.6232	6	0.0000
S0226	9	0.8933	0.8396	-0.2284	136.5070	36	0.0000
S0155	13	0.8026	0.8066	-0.0262	157.9741	78	0.0000
S0178	12	0.6711	0.8104	0.0305	166.1216	66	0.0000
S0228	10	0.8667	0.8120	-0.2516	64.3784	45	0.0304
S0218	10	0.3684	0.7857	0.4107	515.6606	45	0.0000
SW2008	7	0.9474	0.7800	-0.3501	56.4444	21	0.0000
S0143	8	0.5263	0.7619	0.0295	103.7064	28	0.0000
SW632	8	0.6053	0.7034	-0.1828	35.3950	28	0.1587
SW936	11	0.5658	0.8543	0.2490	267.019	55	0.0000
SW2406	10	0.6053	0.8562	0.2940	253.9524	45	0.0000
SW857	8	0.8421	0.7905	-0.2286	53.1110	28	0.0028
SW240	9	0.4474	0.5978	0.1741	82.9396	36	0.0000
เฉลี่ย	9.13	0.6980	0.7769	-0.0355			
St. Dev		0.1964	0.0708				

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.1.2.3 จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัส (number of alleles per locus)

จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ ได้แก่ จังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช กระบี่ ตรัง พังงา และปัตตานี พบว่าสุกรพื้นเมืองจังหวัดปัตตานีมีจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสต่ำสุดคือ 2.5330 และสุกรพื้นเมืองจังหวัดนครศรีธรรมราชมีจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสสูงที่สุดคือ 8.2000 แสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองในจังหวัดนครศรีธรรมราชมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงที่สุดดังแสดงในตารางที่ 4.2

4.1.2.4 เปอร์เซนต์โพลิมอร์ฟิกโลไซ (percentage of polymorphic loci)

เปอร์เซนต์โพลิมอร์ฟิกโลไซของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ ได้แก่ จังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช กระบี่ ตรัง พังงา และปัตตานี ดังแสดงในตารางที่ 4.2 พบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้ทุกจังหวัดมีเปอร์เซนต์โพลิมอร์ฟิกโลไซ 100 เปอร์เซนต์ ยกเว้นจังหวัดปัตตานีที่มีค่า 93.3333 เปอร์เซนต์ แสดงให้เห็นว่าตัวอย่างสุกรพื้นเมืองที่เก็บจากพื้นที่ส่วนใหญ่แสดงโพลิมอร์ฟิกในระดับสูง

เมื่อดูค่าจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสและเปอร์เซนต์โพลิมอร์ฟิก โดยเปรียบเทียบระหว่างสุกรพื้นเมืองและสุกรสายพันธุ์เชิงการค้าจึงพอที่จะอนุมานได้ว่าสุกรเชิงการค้าซึ่งมีการคัดเลือกสายพันธุ์และปรับปรุงพันธุ์มาอย่างสูงอาจส่งผลให้ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมลดต่ำลง เช่นการศึกษาของ Kim *et al.* (2005) พบว่าสุกรป่าเกาหลีมีจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสเท่ากับ 5.81 ขณะที่สุกรพันธุ์ดูรอกและเบิร์กเชียร์มีค่า 4.31 และ 4.88 ตามลำดับ สุกรพื้นเมืองจีนพันธุ์ Min pig และ Xiang pig มีจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อโลคัสเท่ากับ 4.69 ขณะที่สุกรพันธุ์ดูรอกและเบิร์กเชียร์มีค่า 4.31 และ 4.68 สอดคล้องกับการศึกษาของ Li *et al.* (2004) พบว่าสุกรพื้นเมืองประเทศจีนมีค่าเฉลี่ยเฮตเทอโรไซโกซิตีจากการสังเกต ค่าเฉลี่ยเฮตเทอโรไซโกซิตีคาดหวังและโพลิมอร์ฟิกประมาณ 0.53, 0.70 และ 0.65 ตามลำดับ ขณะที่พันธุ์ดูรอกมีค่า 0.31, 0.47 และ 0.40 ตามลำดับ

ตารางที่ 4.2 จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อ โลกัส เปอร์เซ็นต์โพลี มอร์ฟิก โลโซ ค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ย และค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ย

จังหวัด	จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อ โลกัส	เปอร์เซ็นต์โพลี มอร์ฟิก โลโซ	ค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีเฉลี่ย	
			จากการสังเกต	จากทฤษฎี
สุราษฎร์ธานี	4.4000	100.0000	0.7333	0.7050
นครศรีธรรมราช	8.2000	100.0000	0.7242	0.7744
พังงา	4.4667	100.0000	0.6042	0.6280
กระบี่และตรัง	5.7333	100.0000	0.7333	0.7633
ปัตตานี	2.5330	93.3333	0.6000	0.7000

4.1.2.5 ค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ย (observed heterozygosity)

ค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ ได้แก่ จังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช กระบี่ ตรัง พังงา และปัตตานี ดังแสดงในตารางที่ 4.2 โดยสุกรพื้นเมืองจังหวัดปัตตานีมีค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยต่ำสุดคือ 0.6000 และสุกรพื้นเมืองจากจังหวัดสุราษฎร์ธานีกับกระบี่และตรังมีค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยสูงสุดคือ 0.7333

ค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยของประชากรสุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้มีค่า 0.6980 ซึ่งใกล้เคียงกับการศึกษาของ Chaweewan *et al.* (2014) ที่รายงานว่าประชากรสุกรพื้นเมืองภาคใต้มีค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยเท่ากับ 0.7900 ที่เป็นเช่นนั้นอาจเป็นเพราะทั้งสองการศึกษามีการเลือกใช้ไมโครแซทเทลไลต์ที่ใกล้เคียงกัน ส่งผลให้ค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยของประชากรมีค่าใกล้เคียงกัน ขณะที่การศึกษาของ Chaiwatanasin *et al.* (2002) พบค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยของประชากรมีค่า 0.5335 อาจเป็นสาเหตุมาจากการเลือกใช้ไมโครแซทเทลไลต์ที่แสดงโพลีเมอร์ฟิซึมต่ำจึงทำให้ค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยของประชากรมีค่าต่ำกว่าการศึกษาในครั้งนี้ และเมื่อพิจารณาค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยระหว่างประชากรทั้งหมดพบว่าสุกรพื้นเมืองจากจังหวัดปัตตานีมีค่าต่ำสุด (0.6000) อาจเป็นสาเหตุจากการที่จังหวัดปัตตานีเป็นพื้นที่อิสลามไม่มีการเคลื่อนย้ายระหว่างสุกรจากภายนอกและสุกรภายในพื้นที่มากนักจึงส่งผลให้สุกรมีค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีเฉลี่ยต่ำ ขณะที่สุกรพื้นเมืองจากจังหวัดสุราษฎร์ธานีกับกระบี่และตรังมีค่าสูงสุด 0.7333 สืบเนื่องมาจากพื้นที่ดังกล่าวเป็นพื้นที่ติดต่อกับประชากรจำนวนมากและมีการเลี้ยงสุกรพื้นเมืองชุกชุม มีการเคลื่อนย้ายสุกรระหว่างพื้นที่กัน ส่งผลให้สุกรมีค่าเฮตเทอโรโซโกซิตีเฉลี่ยสูงตามไปด้วย

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.1.2.6 ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ย (expected heterozygosity)

ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ ได้แก่ จังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช กระบี่ ตรัง พังงา และปัตตานี ดังแสดงในตารางที่ 4.2 โดยสุกรพื้นเมืองจังหวัดพังงามีค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยต่ำสุดคือ 0.6280 และสุกรพื้นเมืองจากจังหวัดนครศรีธรรมราชมีค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยสูงสุดคือ 0.7744

ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยของประชากรสุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้ มีค่า 0.7769 ซึ่งใกล้เคียงกับการศึกษาของ Chawcewan *et al.* (2014) และ Chaiwatanasin *et al.* (2002) ที่รายงานว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยมีค่าเท่ากับ 0.8500 และ 0.7925 ตามลำดับ เมื่อเปรียบเทียบกับค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยของประชากรแสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้มีค่าใกล้เคียงกับสุกรพื้นเมืองจากประเทศอื่นๆ เช่น จากประเทศจีนมีค่า 0.82 (Yang *et al.* 2012) ประเทศอินเดียมีค่า 0.83 (Behl. 2006) และประเทศเวียดนามมีค่า 0.79 (Thuy. 2006) ที่เป็นเช่นนี้คาดว่าเกิดจากเหตุผลเดียวกันกับการที่ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีจากการสังเกต แต่ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยจากการศึกษาในครั้งนี้ มีค่าสูงกว่าสุกรพื้นเมืองจากประเทศจีนบางกลุ่มที่มีค่า 0.62 (Fang *et al.* 2004) และ 0.63 (Li *et al.* 2004) ประเทศเกาหลีมีค่า 0.49 (Kim *et al.* 2005) ประเทศไต้หวันมีค่า 0.56 (Chang *et al.* 2012) อาจเกิดจากปัจจัยอื่น ๆ ร่วมด้วยเช่น จำนวนและโครงสร้างของไมโทคอนเดรีย ความแตกต่างระหว่างจำนวนตัวอย่างและเทคนิคที่ใช้ในการตรวจสอบ

เมื่อดูค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยและค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ย พอจะสรุปได้ว่าสุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับสุกรพื้นเมืองจากประเทศอื่นๆ แต่มีค่าค่อนข้างสูงเมื่อเปรียบเทียบกับสุกรเชิงการค้าที่มีการคัดเลือกสายพันธุ์และปรับปรุงพันธุ์มาอย่างสูงอาจส่งผลให้ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมลดต่ำลง

เมื่อพิจารณาจำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยและจากทฤษฎีเฉลี่ยและค่า Fis ที่เกิดขึ้นบนโครงสร้างตัวอย่างของสุกรพื้นเมืองประเทศต่างๆและประเทศไทย ดังตารางที่ 4.3 พบว่าสุกรพื้นเมืองไทยมีความหลากหลายทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับสุกรพื้นเมืองจากประเทศอื่นๆ อีกทั้งผลการศึกษาในครั้งนี้ยังทำให้ทราบถึงโครงสร้างที่เหมาะสมสำหรับการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองมากที่สุดคือ S0155, S0178, SW936, IGF-I, S0226, S0090 เนื่องจากโครงสร้างดังกล่าวเกิดจำนวนอัลลีลมากที่สุด ซึ่งหากมีการศึกษาครั้งต่อไปจึงควรมีการศึกษาไมโทคอนเดรีย 6 โครงสร้างด้วย

ตารางที่ 4.3 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยและที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ย และ ค่า Fis ของสุกรพื้นเมืองจากประเทศต่างๆและประเทศไทย

โลคัส	ที่มา	ประชากร	จำนวน อัลลีล	ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี		Fis
				ทฤษฎี	สังเกต	
S0155	Flores <i>et al.</i> (2001)	สุกรพื้นเมืองเม็กซิโก	12	0.48	NA	0.29
	Jae <i>et al.</i> (2014)	สุกรพื้นเมืองฟิลิปปินส์	NA	0.604	0.956	NA
	Laval <i>et al.</i> (2000)	สุกรพื้นเมืองยุโรป	NA	NA	NA	0.04
	Yang <i>et al.</i> (2012)	สุกรพื้นเมืองไทยอีสาน	NA	NA	NA	0.05
	Chewewan <i>et al.</i> (2014)	สุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้	7	0.86	0.8	NA
S0178	Laval <i>et al.</i> (2000)	สุกรพื้นเมืองยุโรป	NA	NA	NA	0.024
	Behl <i>et al.</i> (2001)	สุกรพื้นเมืองอินเดีย	5	NA	0.68	NA
	Chewewan <i>et al.</i> (2014)	สุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้	8	0.87	0.95	NA
SW936	Jae <i>et al.</i> (2014)	สุกรพื้นเมืองเม็กซิโก	NA	0.521	0.818	NA
IGF-I	Laval <i>et al.</i> (2000)	สุกรพื้นเมืองยุโรป	NA	NA	NA	-0.02
	Behl <i>et al.</i> (2001)	สุกรพื้นเมืองอินเดีย	7	NA	0.88	NA
	Chewewan <i>et al.</i> (2014)	สุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้	8	0.87	0.75	NA
S0226	Flores <i>et al.</i> (2001)	สุกรพื้นเมืองเม็กซิโก	13	0.52	NA	0.17
	Yang <i>et al.</i> (2012)	สุกรพื้นเมืองไทยอีสาน	NA	NA	NA	-0.05
	Behl <i>et al.</i> (2001)	สุกรพื้นเมืองอินเดีย	8	NA	0.64	NA
	Chewewan <i>et al.</i> (2014)	สุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้	7	0.8	0.89	NA
S0090	Enrique <i>et al.</i> (2014)	สุกรพื้นเมืองโคลัมเบีย	NA	0.246	0.4581	0.016
	Laval <i>et al.</i> (2000)	สุกรพื้นเมืองยุโรป	NA	NA	NA	0.018
	Behl <i>et al.</i> (2001)	สุกรพื้นเมืองอินเดีย	5	NA	0.76	0.26
	Chewewan <i>et al.</i> (2014)	สุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้	7	0.81	0.68	NA

NA = ไม่มีการแสดงข้อมูล

4.1.3 ความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากร

ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมและค่าความเหมือนทางพันธุกรรมจากการคำนวณด้วย Nei genetic distance (Nei, 1978) ระหว่างสุกรพื้นเมืองภาคใต้ได้แก่ จังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช กระบี่ ตรัง พังงา และปัตตานี เมื่อเปรียบเทียบกับทุกคู่ประชากร พบว่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างสุกรพื้นเมืองภาคใต้มีค่าต่ำสุดที่จังหวัดนครศรีธรรมราชกับกระบี่และตรังคือ

เอกสาร 0.1978 ซึ่งสอดคล้องกับลักษณะทางภูมิศาสตร์ซึ่งทั้ง 3 นั้น จังหวัดมีพื้นที่เชื่อมต่อกันมีประชากรค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จำนวนมากและมีการเลี้ยงสุกรพื้นเมืองชุกชุม มีการเคลื่อนย้ายสุกรระหว่างพื้นที่ ส่งผลให้สุกรในพื้นที่ทั้งสามจังหวัดมีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกันและระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างสุกรพื้นเมืองภาคใต้มีค่าสูงสุดที่จังหวัดพังงากับปัตตานีคือ 0.7095 โดยจังหวัดพังงาอยู่ในพื้นที่ภาคใต้ตอนบนฝั่งอันดามันและจังหวัดปัตตานีอยู่ในพื้นที่ภาคใต้ตอนล่าง ระยะทางประมาณ 500 กิโลเมตร ส่งผลให้ระยะห่างทางพันธุกรรมมีค่ามากที่สุด สอดคล้องกับค่าความเหมือนทางพันธุกรรมที่พบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้จังหวัดนครศรีธรรมราชกับกระบี่และตรังมีค่าสูงที่สุดคือ 0.8205 และสุกรพื้นเมืองภาคใต้จังหวัดพังงากับปัตตานีมีค่าต่ำที่สุดคือ 0.4919 ดังตารางที่ 4.3 ที่ชี้ให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้จังหวัดนครศรีธรรมราชกับกระบี่และตรังมีความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกันมากที่สุด

ตารางที่ 4.4 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (ล่าง) และค่าความเหมือนทางพันธุกรรม (บน)

กลุ่มประชากร	สุราษฎร์ธานี	นครศรีธรรมราช	พังงา	กระบี่-ตรัง	ปัตตานี
สุราษฎร์ธานี	*****	0.7942	0.6357	0.7153	0.6242
นครศรีธรรมราช	0.2304	*****	0.6961	0.8205	0.7396
พังงา	0.4530	0.3623	*****	0.7654	0.4919
กระบี่-ตรัง	0.3351	0.1978	0.2673	*****	0.6276
ปัตตานี	0.4713	0.3017	0.7095	0.4659	*****

***** = เส้นทแยงมุม

เมื่อดูค่าระยะห่างทางพันธุกรรมและค่าความเหมือนทางพันธุกรรม พอจะสามารถอนุมานได้ว่าสุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูงและอยู่ในช่วงกว้าง แต่มีความใกล้เคียงกับระยะห่างทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองประเทศอื่นๆ โดยสุกรพื้นเมืองจากพื้นที่จังหวัดนครศรีธรรมราชกับจังหวัดกระบี่และตรังมีค่าระยะห่างทางพันธุกรรมน้อยที่สุด และสุกรพื้นเมืองจากจังหวัดพังงากับปัตตานีมีระยะห่างทางพันธุกรรมมากที่สุด

เมื่อเปรียบเทียบระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างสุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้กับระยะห่างทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองประเทศอื่นๆ เช่น สุกรพื้นเมืองประเทศโปรตุเกส (Vicente. 2008) สุกรพื้นเมืองจากทวีปยุโรป (Guillaume. 2000) สุกรพื้นเมืองประเทศจีน (Li *et al.* 2004) มีค่า 0.332-0.517, 0.1634- 0.9168, 0.17-3.47 แสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมใกล้เคียงกับสุกรพื้นเมืองจากประเทศอื่นๆ แต่ก็มีความเป็นไปได้ว่าค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่แตกต่างกันอาจเกิดจากปัจจัยอื่นๆร่วมด้วย เช่นจำนวนและโลกซ์ของไม-

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โครแซทเทลไลท์ ความแตกต่างระหว่างจำนวนตัวอย่าง เทคนิคที่ใช้ในการตรวจสอบและสูตรที่ใช้ในการคำนวณ

4.1.4 แผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (phylogenetic tree)

ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมจากการคำนวณด้วย Nei genetic distance (Nei, 1978) มาสร้างความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการโดยวิธี UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) โดยใช้โปรแกรม NEIGHBOR ของ PHYLIP version 3.5c (Felsenstein, 1993) ได้แผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างสุกรพื้นเมืองภาคใต้ ได้แก่ จังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช กระบี่ ตรัง พังงา และปัตตานี ดังแสดงในภาพที่ 4.1 พบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้สามารถจัดแบ่งออกได้เป็น 2 กลุ่มหลัก กลุ่มแรกประกอบด้วยสุกรพื้นเมืองภาคใต้จากจังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช พังงา กระบี่และตรัง และกลุ่มที่ 2 คือสุกรพื้นเมืองจากจังหวัดปัตตานี อันเป็นสาเหตุเนื่องมาจากปัจจัยทางด้านภูมิศาสตร์ โดยสุกรในกลุ่มที่ 1 อยู่บริเวณภาคใต้ตอนบน ขณะที่สุกรกลุ่มสองอยู่บริเวณภาคใต้ตอนล่าง จึงสามารถจัดแบ่งสุกรออกได้เป็นสองกลุ่มชัดเจน โดยระยะทางของความห่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรแสดงในตารางที่ 4.5



ภาพที่ 4.1 แผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างสุกรพื้นเมืองภาคใต้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

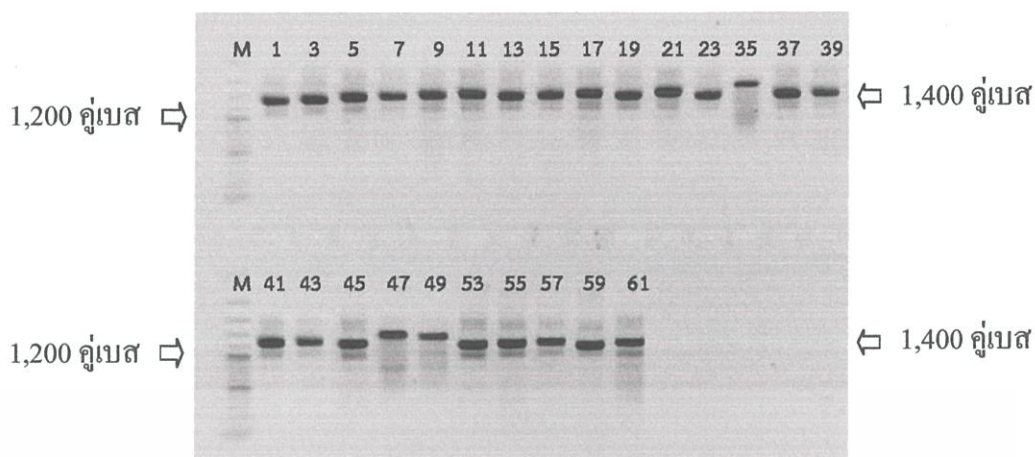
ตารางที่ 4.5 ระยะทางของความห่างระหว่างประชากรสุกรพื้นเมืองภาคใต้

กลุ่มประชากร	ระยะทาง
กลุ่ม 4 และกลุ่ม 2	6.3097
กลุ่ม 3 และกลุ่ม 2	3.90586
กลุ่ม 2 และสุราษฎร์ธานี	14.13823
กลุ่ม 2 และกลุ่ม 1	4.24745
กลุ่ม 1 และนครศรีธรรมราช	9.89077
กลุ่ม 1 และกระบี่และตรัง	9.89077
กลุ่ม 3 และพังงา	18.04409
กลุ่ม 4 และปัตตานี	24.35379

4.2 ผลการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมโดยใช้ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ

4.2.1 แถบดีเอ็นเอจากการเพิ่มจำนวนไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอบริเวณ D-loop

เมื่อนำตัวอย่างเลือดของสุกรพื้นเมืองภาคใต้มาทำการสกัดดีเอ็นเอแล้วคัดเลือกสุกรทั้งหมดจำนวน 25 ตัวอย่าง จากจังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช กระบี่ ตรัง พังงา และปัตตานี พบว่าดีเอ็นเอที่สกัดได้มีความเข้มข้นประมาณ 300-500 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร ซึ่งจะนำไปวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณ displacement loop (D-loop) โดยใช้เทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรสในการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยไพรเมอร์ Dloop-F และ Dloop-R จากการตรวจสอบขนาดของแถบดีเอ็นเอด้วย 1% agarose gel electrophoresis พบว่ามีขนาดประมาณ 1,400 คู่เบส โดยแถบ M คือ 100 bp plus ladder marker แถบที่ 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 53, 55, 57, 59 และ 61 คือแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นจากตัวอย่างสุกรพื้นเมืองภาคใต้ หมายเลขต่างๆตามลำดับจำนวน 25 ตัวอย่าง ดังภาพที่ 4.2 และทำการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์



ภาพที่ 4.2 ผลผลิตพีซีอาร์ของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop

4.2.2 การเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับเบสของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ

D-loop

การเปรียบเทียบความเหมือนของลำดับเบสของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop ที่เพิ่มจำนวนด้วยเทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอเรส จากสุกรพื้นเมืองภาคใต้ในพื้นที่จังหวัด สุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช พังงา กระบี่และตรังพบว่าผลผลิตพีซีอาร์มีความยาวประมาณ 1,400 คู่เบส ซึ่งตรงกับลำดับเบสที่ 15,363-134 ของสุกรในสปีชีส์ *Sus scrofa* (AJ002189) ที่บริเวณ ส่วนของ D-loop ในไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ

เมื่อศึกษาลำดับเบสของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ทั้ง 25 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับลำดับเบสของสุกรในสปีชีส์ *Sus scrofa* (AJ002189) และสุกรพื้นเมืองจากประเทศในแถบเอเชียที่ปรากฏในฐานข้อมูล GenBank ได้แก่ ประเทศจีน (KC469586.1, AM040648.1) ไต้หวัน (KF601700.1) เกาหลี (AY534288.1, DQ207755.1) ญี่ปุ่น (AB015084.1, AB015087.1) และสุกรเชิงการค้าจากทวีปยุโรป (AB041489.1, AB041492.1, AB041496.1, AB015094.1) พบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้ทั้ง 25 ตัวอย่างมีลำดับเบสในไมโทคอนเดรียลบริเวณ D-loop เหมือนกับสุกรพื้นเมืองในสปีชีส์ *Sus scrofa* จากแถบประเทศเอเชียและสุกรเชิงการค้าที่แสดงข้างต้น โดยมีค่าความเหมือนมากกว่า 92% ดังแสดงในภาคผนวกที่ จ จากข้อมูลดังกล่าวจึงอนุมานได้ว่าสุกรพื้นเมืองที่นำมาศึกษาทุกตัวเป็นสุกรในสปีชีส์ *Sus scrofa* (มัทธนา วรณจักร. 2556; Ursing and Arnason. 1998)

4.2.3 ระยะห่างทางพันธุกรรม (Genetic distance)

ระยะห่างทางพันธุกรรมหรืออัตราการเปลี่ยนแปลงของรหัสพันธุกรรมบนไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ของไทย เปรียบเทียบกับสุกรพื้นเมืองจากแถบประเทศเอเชียและสุกรเชิงการค้า วิเคราะห์ด้วยคำสั่ง DNADIST version 3.5c (Felsenstein,1993) ในโปรแกรมสำเร็จรูป BioEdit version 7.0 (Hall, 2007) โดยใช้ The Kimura 2-parameter model

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

พบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรจีนพันธุ์ Jinhau พันธุ์ Meishane และพันธุ์ Taoyaun มีระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่าง 0.0071-0.0372, 0.0043-0.0169 และ 0.0037-0.0134 ตามลำดับ เมื่อพิจารณาสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรป่าไทย สุกรป่าเกาหลี สุกรป่ายุโรปและสุกรป่าญี่ปุ่นพบว่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่าง 0.0112-0.0301, 0.0103-0.0371, 0.0179-0.0258 และ 0.0074-0.0163 ตามลำดับ เมื่อพิจารณาสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรสายพันธุ์เชิงการค้าพันธุ์เพียเทรน พันธุ์ลาร์จไวท์ และพันธุ์เลนเรซ พบว่ามีระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่าง 0.0207-0.0498, 0.0193-0.0392 และ 0.0193-0.0269 ตามลำดับ ซึ่งแสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับสุกรพื้นเมืองจากประเทศจีนมากที่สุด รองลงมาเป็นสุกรป่าจากประเทศต่างๆในแถบเอเชีย และสุกรเชิงการค้าจากต่างประเทศที่มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมน้อยที่สุด



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

1.AJ002189.1

0.0000 0.0164 0.0191 0.0182 0.0171 0.0217 0.0253 0.0237 0.0227 0.0236 0.0200 0.0181 0.0182 0.0271 0.0218 0.0208 0.0255 0.0174 0.0235 0.0243 0.0191 0.0217 0.0271 0.0192 0.0227
0.0198 0.0244 0.0130 0.0119 0.0200 0.0035 0.0043 0.0181 0.0039 0.0069 0.0059 0.0148 0.0207 0.0190 0.0167

2.ST-1

0.0164 0.0000 0.0017 0.0068 0.0042 0.0042 0.0086 0.0122 0.0068 0.0077 0.0043 0.0086 0.0104 0.0105 0.0104 0.0077 0.0140 0.0051 0.0103 0.0104 0.0034 0.0078 0.0104 0.0078 0.0061
0.0104 0.0113 0.0202 0.0060 0.0103 0.0355 0.0210 0.0037 0.0214 0.0244 0.0213 0.0182 0.0040 0.0074 0.0081

3.ST-3

0.0191 0.0017 0.0000 0.0051 0.0051 0.0043 0.0079 0.0115 0.0052 0.0060 0.0026 0.0088 0.0114 0.0089 0.0114 0.0087 0.0124 0.0069 0.0096 0.0105 0.0034 0.0079 0.0097 0.0079 0.0044
0.0105 0.0115 0.0133 0.0078 0.0121 0.0287 0.0214 0.0037 0.0215 0.0246 0.0215 0.0184 0.0040 0.0074 0.0081

4.ST-5

0.0182 0.0068 0.0051 0.0000 0.0059 0.0077 0.0130 0.0061 0.0076 0.0102 0.0059 0.0086 0.0096 0.0140 0.0060 0.0095 0.0088 0.0085 0.0052 0.0131 0.0077 0.0105 0.0148 0.0043 0.0096
0.0105 0.0131 0.0221 0.0078 0.0136 0.0357 0.0193 0.0062 0.0234 0.0244 0.0213 0.0183 0.0081 0.0093 0.0081

5.ST-7

0.0171 0.0042 0.0051 0.0059 0.0000 0.0092 0.0095 0.0131 0.0103 0.0111 0.0077 0.0060 0.0078 0.0113 0.0112 0.0034 0.0149 0.0034 0.0112 0.0078 0.0068 0.0069 0.0112 0.0086 0.0069
0.0078 0.0112 0.0211 0.0051 0.0094 0.0346 0.0201 0.0000 0.0224 0.0234 0.0203 0.0213 0.0071 0.0083 0.0091

6.ST-9

0.0217 0.0042 0.0043 0.0077 0.0092 0.0000 0.0147 0.0150 0.0051 0.0111 0.0085 0.0191 0.0096 0.0175 0.0200 0.0128 0.0193 0.0051 0.0191 0.0123 0.0060 0.0184 0.0138 0.0182 0.0166
0.0141 0.0220 0.0247 0.0104 0.0146 0.0403 0.0318 0.0050 0.0258 0.0289 0.0258 0.0226 0.0082 0.0112 0.0123

7.ST-11

0.0253 0.0086 0.0079 0.0130 0.0095 0.0147 0.0000 0.0197 0.0112 0.0216 0.0267 0.0125 0.0160 0.0101 0.0150 0.0133 0.0212 0.0258 0.0183 0.0163 0.0095 0.0201 0.0099 0.0141 0.0134
0.0102 0.0218 0.0372 0.0150 0.0356 0.0472 0.0329 0.0109 0.0249 0.0279 0.0249 0.0218 0.0079 0.0145 0.0118

ภาพที่ 4.3 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรแถบเอเชียและยุโรป

8.ST-13

0.0237 0.0122 0.0115 0.0061 0.0131 0.0150 0.0197 0.0000 0.0140 0.0149 0.0131 0.0119 0.0143 0.0153 0.0102 0.0171 0.0059 0.0132 0.0111 0.0173 0.0132 0.0135 0.0206 0.0094 0.0127
0.0137 0.0179 0.0303 0.0133 0.0185 0.0436 0.0257 0.0133 0.0248 0.0258 0.0228 0.0198 0.0098 0.0154 0.0098

9.ST-15

0.0227 0.0068 0.0052 0.0076 0.0103 0.0051 0.0112 0.0140 0.0000 0.0050 0.0050 0.0165 0.0131 0.0140 0.0174 0.0141 0.0167 0.0093 0.0156 0.0159 0.0051 0.0166 0.0130 0.0156 0.0114
0.0150 0.0193 0.0266 0.0113 0.0170 0.0403 0.0273 0.0075 0.0226 0.0257 0.0225 0.0215 0.0071 0.0121 0.0112

10.ST-17

0.0236 0.0077 0.0060 0.0102 0.0111 0.0111 0.0216 0.0149 0.0050 0.0000 0.0050 0.0190 0.0157 0.0166 0.0251 0.0132 0.0227 0.0126 0.0234 0.0141 0.0059 0.0226 0.0181 0.0216 0.0174
0.0150 0.0245 0.0282 0.0122 0.0185 0.0421 0.0333 0.0075 0.0215 0.0246 0.0215 0.0205 0.0061 0.0121 0.0102

11.ST-19

0.0200 0.0043 0.0026 0.0059 0.0077 0.0085 0.0267 0.0131 0.0050 0.0050 0.0000 0.0164 0.0139 0.0157 0.0309 0.0114 0.0200 0.0099 0.0284 0.0140 0.0017 0.0311 0.0224 0.0300 0.0242
0.0132 0.0338 0.0255 0.0087 0.0149 0.0393 0.0435 0.0075 0.0194 0.0225 0.0194 0.0183 0.0040 0.0102 0.0081

12.ST-21

0.0181 0.0086 0.0088 0.0086 0.0060 0.0191 0.0125 0.0119 0.0165 0.0190 0.0164 0.0000 0.0071 0.0152 0.0118 0.0079 0.0186 0.0146 0.0117 0.0093 0.0104 0.0084 0.0151 0.0092 0.0109
0.0051 0.0135 0.0300 0.0061 0.0217 0.0407 0.0202 0.0072 0.0217 0.0227 0.0197 0.0187 0.0088 0.0117 0.0068

13.ST-23

0.0182 0.0104 0.0114 0.0096 0.0078 0.0096 0.0160 0.0143 0.0131 0.0157 0.0139 0.0071 0.0000 0.0125 0.0142 0.0079 0.0143 0.0061 0.0124 0.0097 0.0131 0.0125 0.0142 0.0133 0.0152
0.0089 0.0171 0.0071 0.0060 0.0166 0.0207 0.0216 0.0050 0.0255 0.0266 0.0235 0.0245 0.0142 0.0149 0.0121

14.ST-35

0.0271 0.0105 0.0089 0.0140 0.0113 0.0175 0.0101 0.0153 0.0140 0.0166 0.0157 0.0152 0.0125 0.0000 0.0153 0.0134 0.0134 0.0174 0.0187 0.0155 0.0105 0.0185 0.0084 0.0144 0.0058
0.0137 0.0194 0.0388 0.0169 0.0264 0.0498 0.0306 0.0108 0.0268 0.0298 0.0268 0.0238 0.0098 0.0163 0.0138

15.ST-37

ภาพที่ 4.3 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรแถบเอเชียและยุโรป (ต่อ)

0.0218 0.0104 0.0114 0.0060 0.0112 0.0200 0.0150 0.0102 0.0174 0.0251 0.0309 0.0118 0.0142 0.0153 0.0000 0.0151 0.0135 0.0301 0.0033 0.0181 0.0130 0.0150 0.0175 0.0025 0.0193
0.0085 0.0184 0.0355 0.0114 0.0372 0.0447 0.0252 0.0122 0.0239 0.0249 0.0219 0.0189 0.0089 0.0127 0.0089

16.ST-39

0.0208 0.0077 0.0087 0.0095 0.0034 0.0128 0.0133 0.0171 0.0141 0.0132 0.0114 0.0079 0.0079 0.0134 0.0151 0.0000 0.0189 0.0070 0.0133 0.0062 0.0105 0.0071 0.0133 0.0124 0.0107
0.0115 0.0143 0.0180 0.0087 0.0114 0.0317 0.0243 0.0038 0.0259 0.0269 0.0217 0.0248 0.0082 0.0122 0.0123

17.ST-41

0.0255 0.0140 0.0124 0.0088 0.0149 0.0193 0.0212 0.0059 0.0167 0.0227 0.0200 0.0186 0.0143 0.0134 0.0135 0.0189 0.0000 0.0192 0.0169 0.0190 0.0141 0.0227 0.0177 0.0127 0.0151
0.0137 0.0228 0.0371 0.0151 0.0281 0.0472 0.0315 0.0121 0.0268 0.0278 0.0248 0.0218 0.0118 0.0163 0.0118

18.ST-43

0.0174 0.0051 0.0069 0.0085 0.0034 0.0051 0.0258 0.0132 0.0093 0.0126 0.0099 0.0146 0.0061 0.0174 0.0301 0.0070 0.0192 0.0000 0.0292 0.0087 0.0076 0.0277 0.0197 0.0275 0.0277
0.0096 0.0301 0.0237 0.0043 0.0141 0.0347 0.0392 0.0000 0.0214 0.0224 0.0193 0.0224 0.0081 0.0093 0.0101

19.ST-45

0.0235 0.0103 0.0096 0.0052 0.0112 0.0191 0.0183 0.0111 0.0156 0.0234 0.0284 0.0117 0.0124 0.0187 0.0033 0.0133 0.0169 0.0292 0.0000 0.0180 0.0113 0.0150 0.0226 0.0025 0.0227
0.0119 0.0209 0.0372 0.0114 0.0355 0.0463 0.0260 0.0134 0.0279 0.0289 0.0259 0.0228 0.0128 0.0154 0.0128

20.ST-47

0.0243 0.0104 0.0105 0.0131 0.0078 0.0123 0.0163 0.0173 0.0159 0.0141 0.0140 0.0093 0.0097 0.0155 0.0181 0.0062 0.0190 0.0087 0.0180 0.0000 0.0131 0.0051 0.0163 0.0155 0.0146
0.0145 0.0155 0.0208 0.0123 0.0141 0.0341 0.0260 0.0072 0.0268 0.0278 0.0228 0.0258 0.0098 0.0135 0.0138

21.ST-49

0.0191 0.0034 0.0034 0.0077 0.0068 0.0060 0.0095 0.0132 0.0051 0.0059 0.0017 0.0104 0.0131 0.0105 0.0130 0.0105 0.0141 0.0076 0.0113 0.0131 0.0000 0.0114 0.0113 0.0095 0.0061
0.0122 0.0140 0.0212 0.0078 0.0111 0.0348 0.0220 0.0074 0.0193 0.0224 0.0193 0.0183 0.0040 0.0102 0.0081

ภาพที่ 4.3 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรแถบเอเชียและยุโรป (ต่อ)

22.ST-53

0.0217 0.0078 0.0079 0.0105 0.0069 0.0184 0.0201 0.0135 0.0166 0.0226 0.0311 0.0084 0.0125 0.0185 0.0150 0.0071 0.0227 0.0277 0.0150 0.0051 0.0114 0.0000 0.0244 0.0124 0.0224
0.0136 0.0156 0.0334 0.0097 0.0356 0.0425 0.0249 0.0084 0.0237 0.0247 0.0197 0.0227 0.0069 0.0117 0.0108

23.ST-55

0.0271 0.0104 0.0097 0.0148 0.0112 0.0138 0.0099 0.0206 0.0130 0.0181 0.0224 0.0151 0.0142 0.0084 0.0175 0.0133 0.0177 0.0197 0.0226 0.0163 0.0113 0.0244 0.0000 0.0184 0.0142
0.0102 0.0254 0.0372 0.0168 0.0303 0.0491 0.0374 0.0109 0.0269 0.0300 0.0269 0.0239 0.0099 0.0164 0.0138

24.ST-57

0.0192 0.0078 0.0079 0.0043 0.0086 0.0182 0.0141 0.0094 0.0156 0.0216 0.0300 0.0092 0.0133 0.0144 0.0025 0.0124 0.0127 0.0275 0.0025 0.0155 0.0095 0.0124 0.0184 0.0000 0.0201
0.0077 0.0166 0.0328 0.0088 0.0371 0.0419 0.0225 0.0085 0.0229 0.0239 0.0209 0.0179 0.0079 0.0109 0.0079

25.ST-59

0.0227 0.0061 0.0044 0.0096 0.0069 0.0166 0.0134 0.0127 0.0114 0.0174 0.0242 0.0109 0.0152 0.0058 0.0193 0.0107 0.0151 0.0277 0.0227 0.0146 0.0061 0.0224 0.0142 0.0201 0.0000
0.0111 0.0250 0.0344 0.0124 0.0357 0.0452 0.0361 0.0096 0.0227 0.0257 0.0227 0.0197 0.0059 0.0117 0.0098

26.ST-61

0.0198 0.0104 0.0105 0.0105 0.0078 0.0141 0.0102 0.0137 0.0150 0.0150 0.0132 0.0051 0.0089 0.0137 0.0085 0.0115 0.0137 0.0096 0.0119 0.0145 0.0122 0.0136 0.0102 0.0077 0.0111
0.0000 0.0145 0.0181 0.0079 0.0167 0.0331 0.0224 0.0084 0.0217 0.0227 0.0197 0.0187 0.0088 0.0135 0.0069

27.Thailand-Wild

0.0244 0.0113 0.0115 0.0131 0.0112 0.0220 0.0218 0.0179 0.0193 0.0245 0.0338 0.0135 0.0171 0.0194 0.0184 0.0143 0.0228 0.0301 0.0209 0.0155 0.0140 0.0156 0.0254 0.0166 0.0250
0.0145 0.0000 0.0353 0.0124 0.0419 0.0453 0.0309 0.0096 0.0217 0.0207 0.0197 0.0207 0.0069 0.0117 0.0088

28.KCJinhua

0.0130 0.0202 0.0133 0.0221 0.0211 0.0247 0.0372 0.0303 0.0266 0.0282 0.0255 0.0300 0.0071 0.0388 0.0355 0.0180 0.0371 0.0237 0.0372 0.0208 0.0212 0.0334 0.0372 0.0328 0.0344
0.0181 0.0353 0.0000 0.0026 0.0300 0.0161 0.0423 0.0036 0.0187 0.0217 0.0187 0.0157 0.0059 0.0090 0.0059

ภาพที่ 4.3 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรแถบเอเชียและยุโรป (ต่อ)

29.AMMeishne

0.0119 0.0060 0.0078 0.0078 0.0051 0.0104 0.0150 0.0133 0.0113 0.0122 0.0087 0.0061 0.0060 0.0169 0.0114 0.0087 0.0151 0.0043 0.0114 0.0123 0.0078 0.0097 0.0168 0.0088 0.0124
0.0079 0.0124 0.0026 0.0000 0.0113 0.0141 0.0150 0.0049 0.0181 0.0191 0.0160 0.0191 0.0090 0.0101 0.0070

30.DQKorean_W

0.0200 0.0103 0.0121 0.0136 0.0094 0.0146 0.0356 0.0185 0.0170 0.0185 0.0149 0.0217 0.0166 0.0264 0.0372 0.0114 0.0281 0.0141 0.0355 0.0141 0.0111 0.0356 0.0303 0.0371 0.0357
0.0167 0.0419 0.0300 0.0113 0.0000 0.0384 0.0481 0.0125 0.0235 0.0245 0.0194 0.0225 0.0101 0.0093 0.0101

31.KCPietrain

0.0035 0.0355 0.0287 0.0357 0.0346 0.0403 0.0472 0.0436 0.0403 0.0421 0.0393 0.0407 0.0207 0.0498 0.0447 0.0317 0.0472 0.0347 0.0463 0.0341 0.0348 0.0425 0.0491 0.0419 0.0452
0.0331 0.0453 0.0161 0.0141 0.0384 0.0000 0.0231 0.0181 0.0019 0.0029 0.0019 0.0187 0.0227 0.0172 0.0187

32.KCLarge_W

0.0043 0.0210 0.0214 0.0193 0.0201 0.0318 0.0329 0.0257 0.0273 0.0333 0.0435 0.0202 0.0216 0.0306 0.0252 0.0243 0.0315 0.0392 0.0260 0.0260 0.0220 0.0249 0.0374 0.0225 0.0361
0.0224 0.0309 0.0423 0.0150 0.0481 0.0231 0.0000 0.0194 0.0029 0.0039 0.0049 0.0197 0.0257 0.0199 0.0197

33.KFTaoyuan_

0.0181 0.0037 0.0037 0.0062 0.0000 0.0050 0.0109 0.0133 0.0075 0.0075 0.0075 0.0072 0.0050 0.0108 0.0122 0.0038 0.0121 0.0000 0.0134 0.0072 0.0074 0.0084 0.0109 0.0085 0.0096
0.0084 0.0096 0.0036 0.0049 0.0125 0.0181 0.0194 0.0000 0.0231 0.0231 0.0216 0.0245 0.0071 0.0088 0.0100

34.ABPietrain

0.0039 0.0214 0.0215 0.0234 0.0224 0.0258 0.0249 0.0248 0.0226 0.0215 0.0194 0.0217 0.0255 0.0268 0.0239 0.0259 0.0268 0.0214 0.0279 0.0268 0.0193 0.0237 0.0269 0.0229 0.0227
0.0217 0.0217 0.0187 0.0181 0.0235 0.0019 0.0029 0.0231 0.0000 0.0029 0.0039 0.0187 0.0227 0.0207 0.0207

35.ABLargeWhi

0.0069 0.0244 0.0246 0.0244 0.0234 0.0289 0.0279 0.0258 0.0257 0.0246 0.0225 0.0227 0.0266 0.0298 0.0249 0.0269 0.0278 0.0224 0.0289 0.0278 0.0224 0.0247 0.0300 0.0239 0.0257
0.0227 0.0207 0.0217 0.0191 0.0245 0.0029 0.0039 0.0231 0.0029 0.0000 0.0049 0.0217 0.0257 0.0217 0.0217

ภาพที่ 4.3 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรแถบเอเชียและยุโรป (ต่อ)

36.ABLandrace

0.0059 0.0213 0.0215 0.0213 0.0203 0.0258 0.0249 0.0228 0.0225 0.0215 0.0194 0.0197 0.0235 0.0268 0.0219 0.0217 0.0248 0.0193 0.0259 0.0228 0.0193 0.0197 0.0269 0.0209 0.0227
0.0197 0.0197 0.0187 0.0160 0.0194 0.0019 0.0049 0.0216 0.0039 0.0049 0.0000 0.0187 0.0207 0.0187 0.0187

37.ABEuropean

0.0148 0.0182 0.0184 0.0183 0.0213 0.0226 0.0218 0.0198 0.0215 0.0205 0.0183 0.0187 0.0245 0.0238 0.0189 0.0248 0.0218 0.0224 0.0228 0.0258 0.0183 0.0227 0.0239 0.0179 0.0197
0.0187 0.0207 0.0157 0.0191 0.0225 0.0187 0.0197 0.0245 0.0187 0.0217 0.0187 0.0000 0.0197 0.0177 0.0138

38.ABJapanese

0.0207 0.0040 0.0040 0.0081 0.0071 0.0082 0.0079 0.0098 0.0071 0.0061 0.0040 0.0088 0.0142 0.0098 0.0089 0.0082 0.0118 0.0081 0.0128 0.0098 0.0040 0.0069 0.0099 0.0079 0.0059
0.0088 0.0069 0.0059 0.0090 0.0101 0.0227 0.0257 0.0071 0.0227 0.0257 0.0207 0.0197 0.0000 0.0098 0.0098

39.AYKoreanW

0.0190 0.0074 0.0074 0.0093 0.0083 0.0112 0.0145 0.0154 0.0121 0.0121 0.0102 0.0117 0.0149 0.0163 0.0127 0.0122 0.0163 0.0093 0.0154 0.0135 0.0102 0.0117 0.0164 0.0109 0.0117
0.0135 0.0117 0.0090 0.0101 0.0093 0.0172 0.0199 0.0088 0.0207 0.0217 0.0187 0.0177 0.0098 0.0000 0.0059

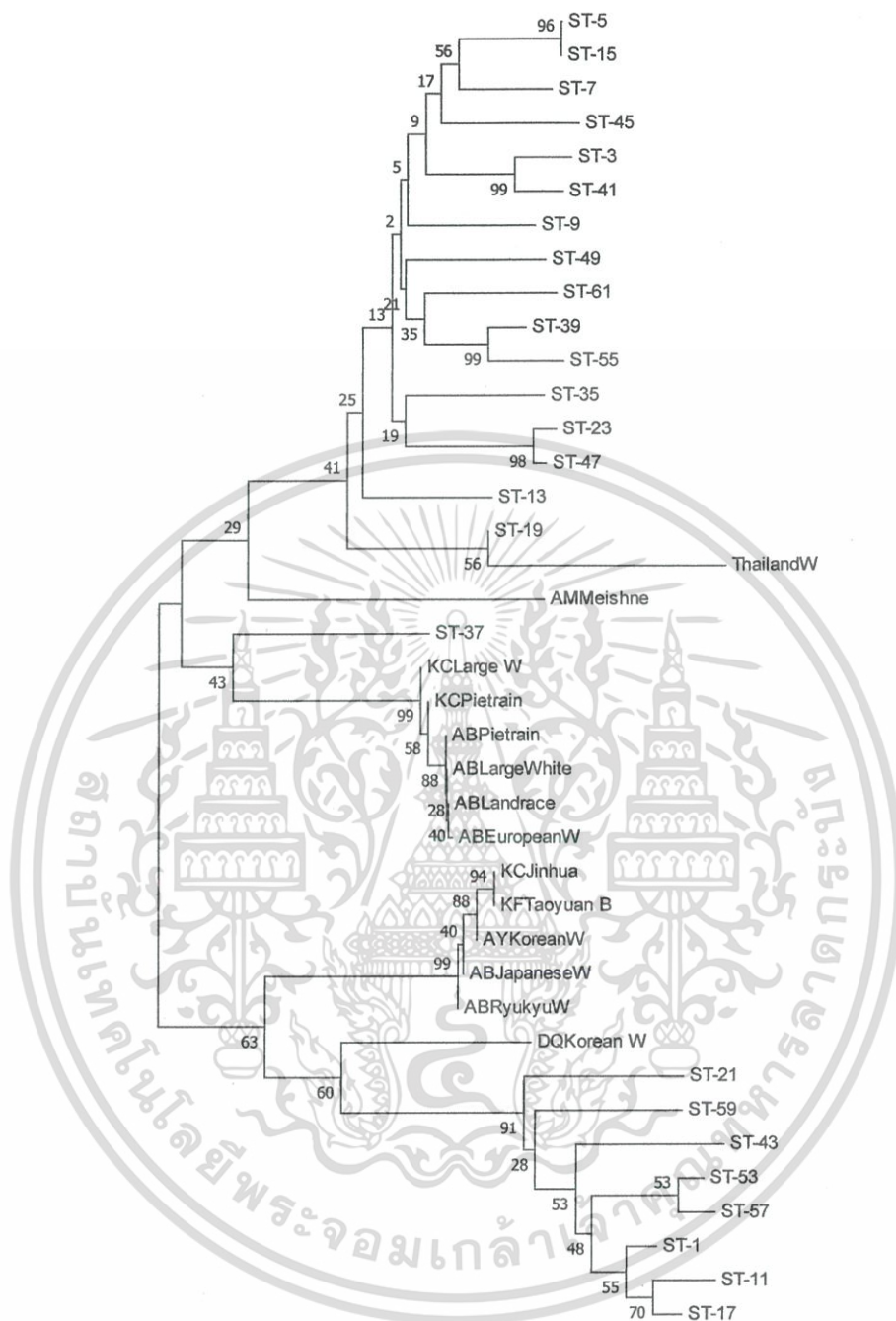
40.ABRyukyuW

0.0167 0.0081 0.0081 0.0081 0.0091 0.0123 0.0118 0.0098 0.0112 0.0102 0.0081 0.0068 0.0121 0.0138 0.0089 0.0123 0.0118 0.0101 0.0128 0.0138 0.0081 0.0108 0.0138 0.0079 0.0098
0.0069 0.0088 0.0059 0.0070 0.0101 0.0187 0.0197 0.0100 0.0207 0.0217 0.0187 0.0138 0.0098 0.0059 0.0000

ภาพที่ 4.3 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรแถบเอเชียและยุโรป (ต่อ)

4.2.4 ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรเมืองในเอเชียและยุโรป

ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรเมืองในเอเชียและยุโรป วิเคราะห์โดยวิธี Neighbor joining/Unweighted pair method with arithmetic mean (NJ/UPGMA) ด้วยโปรแกรม MEGA 7.0 กำหนดให้ค่า Bootstrap test = 1000 (Nei and Kumar, 2000) พบว่าสุกรพื้นเมืองทั้ง 25 ตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษาจัดเป็นเครือญาติเดียวกันกับสุกรในสปีชีส์ *Sus scrofa* ทั้งจากประเทศจีน (KC469586.1, AM040648.1) ใต้หวัน (KF601700.1) เกาหลี (AY534288.1, DQ207755.1) ญี่ปุ่น (AB015084.1, AB015087.1) และสุกรเชิงการค้าจากทวีปยุโรป (AB041489.1, AB041492.1, AB041496.1, AB015094.1) (ภาพที่ 4.4) โดยพบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้ของไทยแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มหลัก คือกลุ่มที่หนึ่ง (ST-21, ST-59, ST-43, ST-53, ST-57, ST-1, ST-11, ST-17) วิวัฒนาการมาจากสุกรป่าและสุกรพื้นเมืองของประเทศจีน เกาหลีและญี่ปุ่น (KC469586.1, KF601700.1, AY534288.1, AB015084.1, AB015087.1) และยังมีความใกล้ชิดกับสุกรป่าในประเทศเกาหลี (DQ207755.1) สุกรกลุ่มที่ 2 (ST-5, ST-15, ST-7, ST-45, ST-3, ST-41, ST-9, ST-49, ST-61, ST-39, ST-55, ST-35, ST-23, ST-47, ST-13) สุกรส่วนใหญ่ในกลุ่มนี้มีความใกล้ชิดกับสุกรพื้นเมืองจากประเทศจีนพันธุ์หมอยาน โดยมีสุกรพื้นเมืองภาคใต้ของไทย 1 ตัวอย่าง (ST-37) ที่มีความใกล้ชิดกับสุกรเชิงการค้าจากทวีปยุโรป และมี 1 ตัวอย่าง (ST-19) ที่มีความใกล้ชิดกับสุกรป่าของไทย



ภาพที่ 4.4 แผนภาพความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรแถบเอเชียและยุโรป

การศึกษาของมัธนา วรรณจักร (2556) ได้ศึกษาหลักฐานต้นกำเนิดและการเลี้ยงสุกรในประเทศไทยจากดีเอ็นเอ โบราณในยุคก่อนประวัติศาสตร์ตอนปลาย โดยใช้ข้อมูลลำดับเบสจากไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอบริเวณ D-loop และ Cytochrome b โดยคาดว่าสุกรพันธุ์ Hainan จากประเทศจีนเป็นสุกรพันธุ์เดียวกับสุกรพื้นเมืองไทยพันธุ์ไหหลำ อีกทั้งสุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ยังมีลักษณะภายนอกทั้งสีและรูปร่างของลำตัวคล้ายสุกรพันธุ์ไต้หวัน จึงได้มีการนำข้อมูลลำดับเบสบริเวณ D-loop ที่ปรากฏใน GenBank ของสุกรพันธุ์ Hainan ประเทศจีน (DQ496802) มาสร้างแผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการด้วย แต่พบว่าสุกรพันธุ์ Hainan จากประเทศจีนกับสุกรพื้นเมืองไทยภาคใต้ไม่ได้จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน เนื่องจากลำดับเบสสุกรพันธุ์ Hainan ที่ปรากฏใน GenBank ไม่ได้เป็นสุกรพื้นเมืองแต่เป็นสุกรป่าในพื้นที่มณฑลไห่หนานของประเทศจีน จึงอาจทำให้สุกรทั้งสองพื้นที่มีชื่อเรียกที่คล้ายกัน แต่ในการศึกษาครั้งนี้ยังได้ทำการศึกษาลำดับเบสที่บริเวณ Cytochrome b ซึ่งได้มีการนำลำดับเบสของสุกรพื้นเมืองพันธุ์ไต้หวันจากประเทศจีน (AF486867) มาศึกษาร่วมด้วย ข้อมูลจากแผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการจาก Cytochrome b แสดงให้เห็นว่าสุกรพันธุ์ Hainan จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันกับสุกรพื้นเมืองพันธุ์อื่นๆ ในแถบเอเชียรวมถึงสุกรพื้นเมืองภาคใต้ของประเทศไทย จึงอาจอนุมานได้ว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้อาจมีต้นกำเนิดมาจากสุกรพื้นเมืองพันธุ์ Hainan ของประเทศจีน

ระยะห่างทางพันธุกรรมและแผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้มีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับสุกรพื้นเมืองจากประเทศจีนและสุกรป่าจากประเทศต่างๆ ในแถบเอเชียซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Charoensook *et al.* (2008); Guanghui *et al.* (2013); Kim *et al.* (2002) พบว่าระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่างสุกรพื้นเมืองของประเทศไทยกับสุกรพื้นเมืองในแถบเอเชียและสุกรเชิงการค้าจากยุโรปประมาณ 0.0074 และ 0.0205 ตามลำดับ โดยแผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการแสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองไทยจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันกับสุกรพันธุ์หมุยซานและพันธุ์พื้นเมืองในแถบเอเชีย ขณะที่สุกรเชิงการค้าจากยุโรปถูกจัดเป็นอีกหนึ่งกลุ่มอย่างชัดเจน โดยในปี พ.ศ.2524 ประเทศไทยได้รับมอบสุกรสายพันธุ์หมุยซานจากประเทศจีน และมีการกระจายพันธุ์สู่เกษตรกรรายย่อย (กรมปศุสัตว์, 2560) อาจเป็นอีกสาเหตุที่ทำให้สุกรพื้นเมืองไทยมีความใกล้ชิดทางพันธุกรรมของสุกรจากประเทศจีน ผลศึกษาของมัทธนาวรรณจักร (2556) แผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการก็พบว่าสามารถแยกสายวิวัฒนาการออกได้เป็น 2 กลุ่มคือ กลุ่มที่มีสายวิวัฒนาการของเอเชียเท่านั้น ซึ่งสุกรไทยโบราณจัดอยู่ในกลุ่มนี้และมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับสุกรจากประเทศจีน กลุ่มที่สองมีทั้งสุกรเอเชียและยุโรปและมีความใกล้ชิดกับสุกรป่าของเอเชีย แสดงว่าสุกรไทยตั้งแต่สมัยอดีตอาจมีต้นกำเนิดจากหลายสายวิวัฒนาการ คือสืบเชื้อสายมาจากสุกรในท้องถิ่นและจากสุกรในแถบเอเชีย โดยเฉพาะอย่างยิ่งจากประเทศจีน

บทที่ 5

สรุปและข้อเสนอแนะ

5.1 สรุปผล

5.1.1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไมโครแซทเทลไลท์

1) สามารถตรวจสอบแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นจากไมโครแซทเทลไลท์ทั้ง 15 โลไซได้ ซึ่งแถบดีเอ็นเอที่เกิดขึ้นมีลักษณะเป็น ladder band คือเกิดแถบดีเอ็นเอหลายแถบติดกัน จำนวนอัลลีลในแต่ละโลคัสมีความผันแปรอยู่ระหว่าง 4-13 อัลลีล โดยที่โลคัส S0026 มีจำนวนอัลลีลน้อยที่สุด และที่โลคัส S0155 มีจำนวนอัลลีลมากที่สุด จำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อ โลคัสสำหรับทุกประชากรคือ 9.13

2) การทดสอบการเข้าสู่สภาพความสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กพบว่าทุกโลคัสไม่เข้าสู่สภาพสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก โลคัส SW632 แสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้มีอัตราการคัดเลือก การกลายของฮีนและการอพยพย้ายถิ่นในระดับสูงและค่า Fis พบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้มีอัตราการผสมเลือดชิดภายในกลุ่มประชากรอยู่ในระดับต่ำ

3) กลุ่มสุกรพื้นเมืองภาคใต้จากจังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช กระบี่ ตรัง พังงา และปัตตานี มีความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรค่อนข้างสูง โดยมีค่าเฮเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากการสังเกตเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 0.6000 จากจังหวัดปัตตานีถึง 0.7333 จากจังหวัดสุราษฎร์ธานี กับกระบี่และตรัง และมีค่าเฮเทอโรไซโกซิตีที่ได้จากทฤษฎีเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 0.6280 จากจังหวัดพังงาถึง 0.7744 จากจังหวัดนครศรีธรรมราช

4) ความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากรจากค่าระยะห่างทางพันธุกรรมที่คำนวณโดยใช้ Nei genetic distance พบว่าสุกรพื้นเมืองจังหวัดนครศรีธรรมราชกับกระบี่และตรังมีค่าต่ำสุดคือ 0.1978 และสุกรพื้นเมืองจังหวัดพังงากับปัตตานีมีค่าสูงสุดคือ 0.7095 สอดคล้องกับค่าความเหมือนทางพันธุกรรมที่พบว่าสุกรพื้นเมืองจังหวัดพังงากับปัตตานีมีค่าต่ำสุด คือ 0.4919 และสุกรพื้นเมืองจังหวัดนครศรีธรรมราชกับกระบี่และตรังมีค่าสูงสุดคือ 0.8205 แสดงให้เห็นว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้จังหวัดนครศรีธรรมราชกับกระบี่และตรังมีความหลากหลายทางพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกันมากที่สุด

5) แผนผังความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการระหว่างประชากรสุกรพื้นเมืองภาคใต้ โดยใช้โปรแกรม NEIGHBOR ของ PHYLIP version3.5c พบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้สามารถจัดแบ่งออกได้เป็น 2 กลุ่มหลัก กลุ่มแรกประกอบด้วยสุกรพื้นเมืองภาคใต้จากจังหวัดสุราษฎร์ธานี นครศรีธรรมราช พังงา กระบี่และตรัง และกลุ่มที่ 2 คือสุกรพื้นเมืองจากจังหวัดปัตตานี

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

5.1.2 ความหลากหลายทางพันธุกรรมของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ

1) สุกรพื้นเมืองภาคใต้ทั้ง 25 ตัวอย่างมีลำดับเบสในไมโทคอนเดรียลบริเวณ D-loop เหมือนกับสุกรพื้นเมืองในสปีชีส์ *Sus scrofa* จากแถบประเทศเอเชียและสุกรเชิงการค้ามากกว่า 92%

2) ระยะห่างทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ของไทย เปรียบเทียบกับสุกรพื้นเมืองจากแถบประเทศเอเชียและสุกรเชิงการค้า พบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรจีนพันธุ์ Jinhau พันธุ์ Meishane และพันธุ์ Taoyuan มีระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่าง 0.0071 ถึง 0.0372, 0.0043 ถึง 0.0169 และ 0.0037 ถึง 0.0134 ตามลำดับ สุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรป่าไทย สุกรป่าเกาหลี สุกรป่ายุโรปและสุกรป่าญี่ปุ่นมีระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่าง 0.0112 ถึง 0.0301, 0.0103 ถึง 0.0371, 0.0179 ถึง 0.0258 และ 0.0074 ถึง 0.0163 ตามลำดับและสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรเชิงการค้า พันธุ์เพียเทรน พันธุ์ลาร์จไวท์และพันธุ์เลนเรซ มีระยะห่างทางพันธุกรรมระหว่าง 0.0207 ถึง 0.0498, 0.0193 ถึง 0.0392 และ 0.0193 ถึง 0.0269 ตามลำดับ

3) ความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรพื้นเมืองในเอเชียและยุโรป พบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้ของไทยแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มหลัก คือกลุ่มที่หนึ่งวิวัฒนาการมาจากสุกรป่าและสุกรพื้นเมืองของประเทศจีน เกาหลีและญี่ปุ่นและยังมีความใกล้ชิดกับสุกรป่าในประเทศเกาหลี กลุ่มที่ 2 มีความใกล้ชิดกับสุกรพื้นเมืองจากประเทศจีนพันธุ์เหมยซาน สุกรเชิงการค้าจากทวีปยุโรปและสุกรป่าของไทย

5.2 ข้อเสนอแนะ

5.2.1 ควรเพิ่มจำนวนไมโครแซทเทลไลท์ที่ตรวจสอบให้มากขึ้นเพื่อให้ข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมมีความถูกต้องและแม่นยำมากยิ่งขึ้น

5.2.2 ควรทำการเปรียบเทียบข้อมูลสุกรพื้นเมืองภาคใต้กับสุกรพื้นเมืองจากภาคอื่นๆของประเทศ เพื่อให้การจัดกลุ่มสุกรพื้นเมืองมีความชัดเจนมากขึ้น

5.2.3 การศึกษาในครั้งนี้ใช้ตัวอย่างในการวิเคราะห์ค่อนข้างน้อยและยังไม่ครอบคลุมที่จะเป็นตัวแทนสุกรพื้นเมืองภาคใต้ได้อย่างแม่นยำ แต่เป็นเพียงผลเพื่อให้เห็นความเป็นไปได้และความสอดคล้องกับพันธุกรรมสุกรอื่นๆที่มีอยู่ในฐานข้อมูล

5.2.4 ผลการศึกษาในครั้งนี้พบว่าสุกรพื้นเมืองภาคใต้ยังเป็นกลุ่มประชากรที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมในระดับสูง ดังนั้นจึงสามารถใช้เป็นข้อมูลให้แก่หน่วยงานที่เกี่ยวข้องเพื่อวางแผนการปรับปรุงพันธุ์สุกรในอนาคตมีประสิทธิภาพมากขึ้น

บรรณานุกรม

กมล จวีวรรณ, วิรัตน์ อวิรุทธพณิชย์, สาริสา ตระการรังสีและวิไลวรรณ แทนธานี. 2556.

“การจำแนกพันธุกรรมในสุกรพื้นเมืองไทย.” การอนุรักษ์และใช้ประโยชน์สุกรพื้นเมืองไทย. 1-27.

กรมปศุสัตว์. 2559. สุกรพันธุ์พื้นเมืองไทย. [Online]. Available :

<http://breeding.dld.go.th/biodiversity/e-learning57/native%20pig.html>. 2 เมษายน 2560.

กรมปศุสัตว์. 2560. วิจัยสุกรพื้นเมืองภาคใต้เพื่อการอนุรักษ์. [Online]. Available:

http://thainews.prd.go.th/website_th/news/print_news/WNSOC6005010010037. 20 เมษายน 2560.

กรมปศุสัตว์. 2560. สุกรพันธุ์หมยซานและลูกผสมที่เกิดจากการผสมพันธุ์กับสุกรพันธุ์ต่างๆ.

[Online]. Available: <http://pvlo-pkk.dld.go.th/th/images/stories/news/2555/meryzan.pdf>. 22 เมษายน 2560.

กัญญา จิระเจริญรัตน์และกัญญา ตันติวิสุทธิกุล. 2551. การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองในเขตภาคกลาง. กรุงเทพฯ : สำนักงานกองทุนสนับสนุนงานวิจัย.

จุฑารัตน์ จันทร์บุรณ์. 2544. “การศึกษาแถบดีเอ็นเอเอน โคจิ้นส์รี โทโร ไวรัส (อีวี -21) ในไก่.” วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (พันธุวิศวกรรม) บัณฑิตวิทยาลัย, มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

จรัญ จันทลักขณา. 2540. “การปรับปรุงพันธุ์หมูเมืองไทยในอนาคต.” สุกรสาร 7(28) : 27-45.

ตรีทิพย์ รัตนวรชัย. 2552. อนุพันธุศาสตร์เบื้องต้น : มหัศจรรย์ดีเอ็นเอ. กรุงเทพฯ : จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

ทัศนีย์ ตรีรัตน์อภิวัน. 2547. “การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมืองไทยบางสายพันธุ์โดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์.” วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาสัตวศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง.

ปิยะมาศ การสมดี. 2542. “ความผันแปรทางพันธุกรรมของไก่พื้นเมือง *Gallus gallus domesticus* ของไทยโดยไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอ.” วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาเทคโนโลยีทางชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

พงษ์ชาญ ณ ลำปาง. 2528. ระบบการเลี้ยงสุกรแบบดั้งเดิมในชนบทภาคตะวันออกเฉียงเหนือ. กรุงเทพฯ : ฟีนีพับลิชชิง.

พนิช คำบรรณสาร. 2545. “ความหลากหลายทางพันธุกรรมของสุกรพื้นเมืองภาคตะวันออกเฉียงเหนือของไทย.” วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรุษฎีบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- มัทธนา วรณจักร. 2556. “หลักฐานแสดงต้นกำเนิดและการเลี้ยงสุกรในประเทศไทยจากดีเอ็นเอโบราณในยุคก่อนประวัติศาสตร์ตอนปลาย.” วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาพันธุศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- รณชัย สิทธิไกรพงษ์. 2540. การผลิตสุกร. กรุงเทพฯ : สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง.
- วันดี ทาตระกูล. 2546. สุกรและการผลิตสุกร. กรุงเทพฯ : หจก. นพบุรีการพิมพ์.
- วิชัย บุญแสง, อัญชลี ทศนาจร, ชัยณรงค์ วงศ์ธีรทรัพย์, นุสรา สิทธิดิถรัตน์ และสกล พันธุ์ยิ้ม. 2545. ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากสารพันธุกรรมสู่เทคโนโลยีพิสูจน์บุคคล. กรุงเทพฯ : สำนักงานวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ.
- วุฒิพงษ์ อินทรธรรม, เกียรติเดช สำแดง และอัญชลี ณ เชียงใหม่. 2544. การปรับปรุงพันธุกรรมของสัตว์ในเขตร้อน. กรุงเทพฯ : กระทรวงเกษตรและสหกรณ์.
- ศูนย์เทคโนโลยีชีวภาพทางการเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 2560. เครื่องมือวิทยาศาสตร์ด้านชีวโมเลกุล ระดับ High throughput. [Online]. Available : http://cab.ku.ac.th/tools_science/product_detail.php?id=19.30 เมษายน 2560.
- สมาคมพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทยและสถาบันส่งเสริมการสอนวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี. 2548. ตำราความรู้พันธุศาสตร์. กรุงเทพฯ : เท็กซ์ แอนด์ เจอร์นัล พับลิเคชั่น.
- สุชีพ รัตตสาร. 2520. คู่มือปฏิบัติการเลี้ยงสุกร. กรุงเทพฯ : เทพพิทักษ์การพิมพ์.
- สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. 2552. จีโนมและเครื่องหมายดีเอ็นเอ : จากพื้นฐานสู่การประยุกต์. กรุงเทพฯ : มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.
- สุวีร เกตุงาม. 2546. “เครื่องหมายดีเอ็นเอในงานปรับปรุงพันธุ์พืช.” วารสารวิชาการ ม.อบ. 5(2) : 37-58.
- อมรรัตน์ มงคลพร. 2548. เครื่องหมายโมเลกุลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืช. กรุงเทพฯ : จรัสสนิทวงศ์การพิมพ์.
- Behl, R. N., Sheoran, J. B. and Vijh, R.K. 2006. “Genetic Analysis of Ankamali Pigs of India Using Microsatellite Markers and their Comparison with Other Domesticated Indian Pig Types.” *J Anim Breed Genet.* 123 : 131-135.
- Brown, S.M., Szewc-McFadden, A. K., and Kresovich, S. 1996. “Development and Application of Simple Sequence Repeat (SSR) Loci for Plant Genome Analysis.” 147-159. In. Jauhar, P.P. *Methods of Plant Genome Analysis : Their merits and pitfalls.* Florida : CRS Press.
- Carter, R.E. 2000. “DNA Fingerprinting Using Minisatellite Probes.” 113-135. In Barker, A.J. *Molecular Methods in Ecology.* Oxford : Alden Press.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- Chaiwatanasin, W., Chansavang, S. and Tabchareon, S. 2002. "Genetic Diversity of Four Pig Breeds in Thailand Based on Microsatellite Analysis." **Kasetsart J. (Nat. Sci.)** 36 : 248-252.
- Chang, W.H., Chu, H.P., Jiang, Y.N., Li, S.H., Wang, Y., Chen, C.H., Chen, K.J., Lin, C.Y. and Ju, Y.T. 2012. "Genetic Variation and Phylogenetics of Lanyu and Exotic Pig Beeds in Taiwan Analyzed by Nineteen Microsatellite Markers." **J. Anim. Sci.** 87 : 1-8.
- Charoensook, R., Brenig, B., Gatphayak, K. and Knorr C. 2008. "Phylogenetic and Population Structure of Thai Indigenous Pigs and Thai Wild Boars Assessed by Mitochondrial DNA Sequence Polymorphisms." **Conference of the International Society for Animal Genetics.**
- Chawewan, K., Duanjinda, M. and Klomtong, P. 2014. "Genetic Diversity of Thai Indigenous Pig using Microsatellite Markers." **Proceeding of the 16th AAAP Animal Science Congress Vol.II** 212-215.
- Cunningham, E.P. 1999. The Application of Biotechnologies to Enhance Animal Production in Different Farming Systems. **Lives. Prod. Sci.** 58 : 1 – 24.
- Enrique, P., Lic, B.Q., Teodora, I.C., Lic, B.M. and Ivan, M. 2014. "Genetic Diversity of Domestic Pigs in Tierralta (Colombia) Using Microsatellites" **Rev. Colomb. Cienc. Pecu.** 28 : 272-278.
- Fajardo, V., Gonzalez, I., Martin, I., Rojas, M., Hernandez, P.E., Garcia, T. and Martin, R. 2007. "Differentiation of European Wild Boar (*Sus scrofa scrofa*) and Domestic Swine (*Sus scrofa domestica*) Meats by PCR Analysis Targeting the Mitochondrial D-loop and the Nuclear Melanocortin Receptor 1 (MC1R) Genes." **Meat Sci.** 78 : 314-322.
- Falvey, L. 1981. "Research on Native Pigs in Thailand." **World Animal Review.** 38 : 16-22.
- Fang, B.S., Yang, L., Lie, B., Yu, M., Zhao, S.H. and Li, K. 2004. "Characterization of the Genetic Diversity on Natural Populations of Chinese Miniature Pig Breeds." **Anim. Genet.** 34 : 465-476.
- FAO and ISAG. 2011. **Molecular Genetic Characterization of Animal Genetic Resources.** Rome. : FAO.
- Felsenstein, J. 1993. **PHYLIP : Phylogeny Inference Package version 3.5c.** Seattle : Department of Genetics, University of Washington.
- Flores, G. L., Arvizu, R.U., Kuri, M.R., Estrada, F.J. and Alonso, R.A. 2001. "Genetic Analysis of Mexican Hairless Pig Population." **J. Anim. Sci.** 79(12) : 3021-3026.

- Grossi S.F., Lui J.F., Garcia J.E. and Meirelles F.V. 2006. "Genetic Diversity in Wild (*Sus scrofa scrofa*) and Domestic (*Sus scrofa domestica*) Pigs and Their Hybrids Based on Polymorphism of a Fragment of the D-loop Region in the Mitochondrial DNA." **Genet. Mol. Res.** 5 (4) : 564-568.
- Guanghai, Y., Hai, X., Jikun, W. and Xingbo, Z. 2013. "The phylogenetic status of typical Chinese native pigs: analyzed by Asian and European pig mitochondrial genome sequences." **J. Anim. Sci. Biotechnol.** 4(1) : 9.
- Guillaume, L., Nathalie, I., Christian, L., Denis, M., Martien, A.M., Elisabetta, G., Leif, A., Peter, H. N., Claus, B. J., Petra, B., Hermann, G., Jean, L.F., Claude, C. and Louis, O. 2000. "Original Article Genetic Diversity of Eleven European Pig Breeds." **Genet. Sel. Evol.** 32 : 187-203.
- Hall, T. 2007. **BioEdit: Biological Sequence Alignment Editor for Windows 95/98/NT/XP.** [Online]. Available : <http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html>. 20 May 2560.
- Hendrik, J.M., Richard, P.M.A., Magali, S.C., Xiao, H., Ning, L. and Martien, A.M.G. 2007. "Biodiversity of pig breeds from China and Europe estimated from pooled DNA samples: differences in microsatellite variation between two areas of domestication." **Genet. Sel. Evol.** 40(2008) : 103–128.
- Hitomi, H., Naotaka, I., Takuma, W., Nobuo S., Tomoko, A., Vu, T.L., Dang, V.B., Nguyen, T.T. and Nguyen, H.N. 2002. "Variation in Mitochondrial DNA of Vietnamese Pigs: Relationships with Asian Domestic Pigs and Ryukyu Wild Boars." **Zoolog. Sci.** 19(11) :1329-1335.
- Jae, D.O., Roxan, G.C., Jaeyoung, C., Joohee, S., Ki-Duk S., Renato S.A., Vega, R.C., Santiago, Josh E.R., Sam, W.K., Chul, W.K., Sunghoon, K., Hong, S.K., Hakkyo, L. and Byungwook C. 2014. "Genetic Analysis of Philippine Native Pigs (*Sus scrofa* L.) Using Microsatellite Loci" **Philipp. J. Sci.** 143 (1) : 87-94.
- Kim, K.S. and Choi, C.B. 2002. "Genetic Structure of Korean Native Pig Using Microsatellite Markers." **Kor. J. Genet.** 24 : 1-7.
- Kim, K.I., Lee, J.H., Li, K., Zhang, Y.P, Lee, S.S., Gongora, J. and Moran, C. 2002. "Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism." **Anim. Genet.** 33 : 19-25.

- Kim, T.H., Kim, K.S., Choi, B.H., Yoon, D.H., Jang, G.W., Lee, K.T., Chung, H.Y., Lee, H.Y., Park, H.S. and Lee, J.W. 2005. Genetic Structure of Pig Breeds From Korea and China Using Microsatellite Loci Analysis. **J Anim Sci.** 83 : 2255-2263.
- Kochert, G. 1994. "RFLP technology." 8-38. In Phillips, R.L. and Vasil, I.K. **DNA-Based Markers in Plants.** Dordrecht : Kluwer Academic.
- Koreth, J. 1996. "Microsatellite and PCR Genomic Analysis." **J. Pathol.** 178 : 239-248.
- Laval, G., Iannuccelli, N., Legault, C., Milan, D., Groenen, M.A., Giuffra, E., Andersson, L., Nissen, P.H., Jorgensen, C.B., Beekmann, P., Geldermann, H., Foulley, J.L., Chevalet, C. and Ollivier, L. 2000. "Genetic diversity of eleven European pig breeds." **Genet Sel Evol.** 32(2) : 187-203.
- Li, S.J., Yang, S.L., Yang, Zhao, S.H., Fan, B., Yu., Wang, S.H., Li, M.M., Liu, B., Xiong, T.A. and Li, K. 2004. "Genetic Diversity Analyses of 10 Indigenous Chinese Pig Populations Based on 20 Microsatellites." **J. Anim. Sci.** 82 : 368-74.
- Li, R., Zou, H., Jia, Y. and Zhao, R. 2013. "Glucocorticoid Receptor is Involved in the Breed Dependent Transcriptional Regulation of mtDNA and Nuclear-Encoded Mitochondria Genes in the Liver of Newborn Piglets" **BMC Vet. Res.** 13 : 9-87
- Lin, C.S., Sun, Y.L., Liu, C.Y., Yang, P.C., Chang, L.C., Cheng, I.C., Simon, J.T. and Huang, M.C. 1999. "Complete Nucleotide Sequence of Pig (*Sus scrofa*) Mitochondrial Genome and Dating Evolutionary Divergence Within Artiodactyla." **Genetics.** 236 : 107-114.
- Martínez, A.M., Rodero, A. and Vega-Pla J.L. 2000. "Study Using Microsatellite of Main Varieties of Iberian Pig." **Arch. Zootec.** 49 : 45-52.
- Max, F. and Anatoly, R. 2010. **The Genetics of the Pig, 2nd.** London : CPI Antony Rowe.
- Maxim, V.M., George, I.K., Gadj, O.S., Georgii, P.G. and David, R.B. 1995. **Extraction of DNA from the whole blood by silica gel.** [Online]. Available : http://www.protocol-online.org/cgi-bin/prot/view_cache.cgi?ID=1161. 8 May 2560.
- Nei, M. 1972. "Genetic Distance Between Populations." **Amer. Nat.** 106 : 283-292.
- Nei, M. and Kumar, S. 2000. **Molecular Evolution and Phylogenetics.** New York : Oxford University Press.
- Paterson, A.H. 1996. **Genome Mapping in Plants.** California : Academic Press, Inc.

- Paulo, C.A. Iris, P., Raquel, G., Joaquin, V., Christian, G. and Massimo, S. 2010. "Genetic Diversity of Wild Boar Populations and Domestic Pig Breeds (*Sus scrofa*) in South-western Europe." **Biol J Linn Soc.** 10(101) : 797–822.
- Pond, W.G. and Mersmann, H.J. 2001. **General characteristics.** USA : Cornell University Press.
- Primrose, S.B. and Twyman, R.M. 2003. **Principles of Demone Analysis and Genomics.** 3rd. London : Blackwell Publishing.
- Rattanaronchart, S. 1994. **Present Situation of Thai Native Pigs Department of Animal Science.** Chiangmai : Chiangmai University.
- Scribner, K.T. and Pearce, J.M. 2000. "Microsatellites : Evolutionary and Methodological Background and Empirical Applications at Individual, Population and Phylogenetic Levels." 235-273. In Barker, A.J. **Molecular Methods in Ecology.** Oxford : Alden Press.
- Staub, J.E., and Serquen, F.C. 1996. "Genetic Markers, Map Construction, and their Applications in Plant Breeding." **Hort Sci.** 31(5) : 729-741.
- Su, Y., Zheng, R., Jiang, S., Deng, C. and Xiong, Y.Z. 2001. "Research on Polymorphism of 12 Microsatellite Markers in Family of Large White x Meishan Pigs." **J. Anim. Breed. Abstr.** 64(4) : 358.
- Tassanakajon, A. 2003. "Genetic Diversity and Population Structure of the Black Tiger shrimp, *Penaeus monodon*, in Thailand Revealed by Microsatellite Markers." **J. Res. Meth.** 16(3) : 359-380.
- Tautz, D. 1989. Hypervariability of Sample Sequence as a Genetic Source for Polymorphic DNA Marker. **Nucleic Acid Res.** 17 : 6563-6473.
- Thuy, N.T.D., Melchinger, W.E., Kuss, A.W., Cuong, N.V., Bartenschlager, H. and Geldermann, H. 2006. "Comparison of Vietnamese and European Pig Breeds Using Microsatellites." **J Anim Sci.** 84 : 2601-2608.
- Tomasz, S., Katarzyna, R., Miroslaw, T., Katarzyna, P., Kacper, Z., Maria, O. and Tadeusz B. 2016. "The Genetic Structure of Five Pigs Breeds Maintained In Poland." **Ann. Anim. Sci.** 4 : 1019–1027.
- Ursing, B.M. and Arnason, U. 1998. "The Complete Mitochondrial DNA Sequence of the Pig (*Sus scrofa*)." **J. Mol. Evol.** 47 : 302–306.

Vicente , A.A., Carolino, M.I., Sousa, M.C.O., Ginja, C., Silva, F.S., Martinez, A.M., Vega-Pla,

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- J.L.N., Carolino and Gama, L.T. 2008. "Genetic Diversity in Native and Commercial Breeds of Pigs in Portugal Assessed by Microsatellites." **J. Anim. Sci.** 86 : 2496-2507.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., van de Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M., and Zebeau, M. 1995. "AFLP: A New Technique for DNA Finger Printings." **Nucleic. Acids. Res.** 23 : 4407-4414.
- Waugh, R., and Powell, W. 1992. "Using RAPD Markers for Crop Improvement." **BTECH.** 10 : 186-191.
- Whitkus, R. 2004. "Nuclear DNA Markers in Systematics and Evolution." 116-141. In Phillips, R.L. and Vasil, I.K. 2003. **DNA-Based Makers in Plants.** Dordrecht : Kluwer Academic.
- William, G., Adrian, L. and Sibte, H. 2010. **An Introduction to Forensic Genetics.** 2nd. Singapore : Markono Print Media Pte Ltd.
- Williams, J.G.K. 1990. "DNA Polymorphisms Amplified by Arbitrary Primers are Useful as Genetic Markers." **Nucleic Acids Res.** 18(22) : 6531-6535.
- Yang, S.L., Wang, Z.G., Liu, B., Zhang, G.X., Zhao, S.H., Yu, M., Fan, B., Li, M.H., Xiong, T.A. and Li, K. 2003. "Genetic Variation and Relationships of Eighteen Chinese Indigenous Big Breeds." **Genet. Sel. Evol.** 35 : 657-671.
- Yang, S.L., Surintorn, B., Pongchan, N.L., Uthairat, N.N. and Shi, Z.H. 2012. "Genetic Variation and Population Structure of Thai Indigenous Pig Population Based on Mitochondrial and Microsatellite DNA Markers." **J. Anim. Vet. Adv.** 11(4) : 509-516.
- Yeh, F.C., Yang, R. and Boyle, T. 1999. **POPGENE version 1.32.** [Online]. Available : [Http://www.Ualberta.ca](http://www.Ualberta.ca). 10 May 2560.



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษา

1. ภาพสุกรพื้นเมืองภาคใต้



ภาพผนวกที่ ก.1 สุกรพื้นเมืองภาคใต้

ที่มา : กรมปศุสัตว์ (2560)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2. ที่มาของสุกรพื้นเมืองภาคใต้

ตารางที่ ก.1 ที่มาของสุกรพื้นเมืองภาคใต้

หมายเลข สุกร	ที่มา	หมายเหตุ
ST-1	ต.ท่าขนอน อ.คีรีรัฐนิคม จ.สุราษฎร์ธานี	
ST-2	อ.ตะกั่วป่า จ.พังงา	
ST-3	ต.ท่าขนอน อ.คีรีรัฐนิคม จ.สุราษฎร์ธานี	
ST-4	อ.ท้ายเหมือง จ.พังงา	
ST-5	ต.สินปุน อ.เขาพนม จ.กระบี่	
ST-6	ต.สินปุน อ.เขาพนม จ.กระบี่	
ST-7	ต.เหนือคลอง อ.เหนือคลอง จ.กระบี่	
ST-8	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-9	ต.ควนหนองควัว อ.จุฬาภรณ์ จ.นครศรีธรรมราช	
ST-10	ต.บางดี อ.ห้วยยอด จ.ตรัง	
ST-11	อ.พรหมคีรี จ.นครศรีธรรมราช	
ST-12	อ.พรหมคีรี จ.นครศรีธรรมราช	
ST-13	ต.การะเกด อ.เชียรใหญ่ จ. นครศรีธรรมราช	
ST-14	ต.ไสหมาก อ.เชียรใหญ่ จ. นครศรีธรรมราช	
ST-15	ต.สามตำบล อ.จุฬาภรณ์ จ.นครศรีธรรมราช	
ST-16	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-17	อ.ตะกั่วป่า จ.พังงา	
ST-18	อ.ตะกั่วป่า จ.พังงา	
ST-19	อ.ท้ายเหมือง จ.พังงา	
ST-20	อ.ท้ายเหมือง จ.พังงา	
ST-21	อ.ท้ายเหมือง จ.พังงา	
ST-22	อ.ตะกั่วป่า จ.พังงา	
ST-23	อ.ท้ายเหมือง จ.พังงา	
ST-24	อ.ท้ายเหมือง จ.พังงา	
ST-25	อ.ท้ายเหมือง จ.พังงา	
ST-26	อ.ตะกั่วป่า จ.พังงา	ตาย
ST-27	อ.ตะกั่วป่า จ.พังงา	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ก.1 ที่มาของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ (ต่อ)

หมายเลข สุกร	ที่มา	หมายเหตุ
ST-28	ต.นาหลวงเสน อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-29	อ.ท้ายเหมือง จ.พังงา	
ST-30	ต.สามตำบล อ.จุฬาภรณ์ จ.นครศรีธรรมราช	
ST-31	ต.สามตำบล อ.จุฬาภรณ์ จ.นครศรีธรรมราช	
ST-32	อ.ตะกั่วป่า จ.พังงา	
ST-33	ต.ทุ่งโพธิ์ อ.จุฬาภรณ์ จ.นครศรีธรรมราช	
ST-34	ต.บางกุ้ง อ.หัวขุด จ.ตรัง	
ST-35	ต.ปากแพรก อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	ตาย
ST-36	ต.ปากแพรก อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-37	ต.สินปุน อ.เขาพนม จ.กระบี่	
ST-38	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-39	อ.ท้ายเหมือง จ.พังงา	
ST-40	อ.เหนือคลอง จ.กระบี่	
ST-41	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-42	อ.เหนือคลอง จ.กระบี่	
ST-43	อ.ลำทับ จ.กระบี่	
ST-44	ต.เขาแก้ว อ.ลานสกา จ.นครศรีธรรมราช	
ST-45	อ.เขาพนม จ.กระบี่	
ST-46	ต.นาทราย อ.เมือง จ.นครศรีธรรมราช	
ST-47	ต.ควนหนองคว่ำ อ.จุฬาภรณ์ จ.นครศรีธรรมราช	
ST-48	ต.ท่าเรือ อ.โคกโพธิ์ จ.ปัตตานี	
ST-49	ต.นาทราย อ.เมือง จ.นครศรีธรรมราช	
ST-50	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-51	ต.สินปุน อ.เขาพนม จ.กระบี่	ตาย
ST-52	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-53	ต.มะกรูด อ.โคกโพธิ์ จ.ปัตตานี	
ST-54	ต.นาทราย อ.เมือง จ.นครศรีธรรมราช	
ST-55	ต.นาทราย อ.เมือง จ.นครศรีธรรมราช	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ก.1 ที่มาของสุกรพื้นเมืองภาคใต้ (ต่อ)

หมายเลข หลอดเลือด	ที่มา	หมายเหตุ
ST-56	ต.นาหลวงเสน อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-57	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-58	ต.บางสวรรค์ อ.พระแสง จ.สุราษฎร์ธานี	
ST-59	ต.นาทราย อ.เมือง จ.นครศรีธรรมราช	
ST-60	ต.พรหมโลก อ.พรหมคีรี จ.นครศรีธรรมราช	
ST-61	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-62	ต.ท่าขนอน อ. คีรีรัฐนิคม จ.สุราษฎร์ธานี	
ST-63	ต.ท่าขนอน อ. คีรีรัฐนิคม จ.สุราษฎร์ธานี	
ST-64	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-65	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-66	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-67	ต.สินปุน อ.เขาพนม จ.กระบี่	
ST-68	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-69	ต.ปากแพรก อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-70	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-71	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-72	ต.ท่าขนอน อ. คีรีรัฐนิคม จ.สุราษฎร์ธานี	
ST-73	ต.ท่าขนอน อ. คีรีรัฐนิคม จ.สุราษฎร์ธานี	
ST-74	ต.นาเหนือ อ.ทุ่งสง จ. นครศรีธรรมราช	
ST-75	ต.บางสวรรค์ อ.พระแสง จ.สุราษฎร์ธานี	
ST-76	ต.ไสหมาก อ.เชียรใหญ่ จ. นครศรีธรรมราช	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การเตรียมสารเคมี

1. Guanididine solution ปริมาตร 1,000 มิลลิลิตร

- 1) เตรียมสารต่างๆดังแสดงในตารางที่ ข.1
- 2) เติมน้ำกลั่นที่อบด้วยความดันไอน้ำ (auto clave) ที่อุณหภูมิ 120 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 20 นาที แล้วปรับปริมาตรให้ครบ 1,000 มิลลิลิตร
- 3) เก็บสารละลายที่อุณหภูมิห้อง

ตารางที่ ข.1 ส่วนประกอบของ Guanididine solution

สาร	ปริมาณ	ความเข้มข้นสุดท้าย
Guanidine hydrochloride	573.13 กรัม	6 M
EDTA	7.44 กรัม	20 mM
Tris-HCl, pH 6.5	1.58 กรัม	10 mM
Triton X-100	40 กรัม	40 g/l
DTT	10 กรัม	10 g/l

2. Binding Buffer ปริมาตร 1,000 มิลลิลิตร

- 1) เตรียมสารต่างๆดังแสดงในตารางที่ ข.2
- 2) เก็บสารละลายที่อุณหภูมิห้อง

ตารางที่ ข.2 ส่วนประกอบของ binding buffer

สาร	ปริมาณ	ความเข้มข้นสุดท้าย
Silicon dioxide	4 กรัม	
Guanididine solution	100 มิลลิลิตร	

3. Propanol ปริมาตร 1,000 มิลลิลิตร

- 1) เตรียมสารต่างๆดังแสดงในตารางที่ ข.3
- 2) เติมน้ำกลั่นที่อบด้วยความดันไอน้ำ (auto clave) ที่อุณหภูมิ 120 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 20 นาที แล้วปรับปริมาตรให้ครบ 1,000 มิลลิลิตร
- 3) เก็บสารละลายที่อุณหภูมิห้อง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ข.3 ส่วนประกอบของ propanol

สาร	ปริมาณ	ความเข้มข้นสุดท้าย
Iso-propanol	250 มิลลิลิตร	25%
Ethanol	250 มิลลิลิตร	25%
NaCl	5.84 กรัม	100 mM
Tris-HCl, pH 8.0	1.58 กรัม	10 mM

4. TE buffer ปริมาตร 1,000 มิลลิลิตร

- 1) เตรียมสารต่างๆดังแสดงในตารางที่ ข.4
- 2) เติมน้ำกลั่นปริมาตร 800 มิลลิลิตร แล้วปรับค่าความเป็นกรด-ด่างให้อยู่ที่ pH 8.0
- 3) ปรับปริมาตรด้วยน้ำกลั่นให้มีปริมาตรครบ 1,000 มิลลิลิตร
- 4) นำไปที่อบด้วยความดันไอน้ำ (auto clamp) อุณหภูมิ 120 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 20 นาที เก็บสารละลายที่อุณหภูมิห้อง

ตารางที่ ข.4 ส่วนประกอบของ TE buffer

สาร	ปริมาณ	ความเข้มข้นสุดท้าย
Tris-base	1.211 กรัม	10 mM
EDTA	0.186 กรัม	0.5 mM

5. 5X TBE buffer

- 1) เตรียมสารต่างๆ ดังแสดงในตารางที่ ข.5
- 2) เติมน้ำกลั่นให้มีปริมาตรครบ 1,000 มิลลิลิตร
- 3) นำไปอบด้วยความดันไอน้ำ (auto clamp) อุณหภูมิ 120 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 20 นาที เก็บสารละลายที่อุณหภูมิห้อง

ตารางที่ ข.5 ส่วนประกอบของ 5X TBE buffer

สาร	ปริมาณ	ความเข้มข้นสุดท้าย
Tris-base	54 กรัม	0.45 M
Boric acid	27.5 กรัม	
0.5 M EDTA, pH 8.0	20 มิลลิลิตร	0.01 M

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

6. 1X TBE buffer

- 1) ผสมสารต่างๆ ดังแสดงในตารางที่ ข.6
- 2) เติมน้ำกลั่นให้มีปริมาตรครบ 1,000 มิลลิลิตร
- 3) นำไปที่อบด้วยความดันไอน้ำ (auto clamp) อุณหภูมิ 120 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 20 นาที เก็บสารละลายที่อุณหภูมิห้อง

ตารางที่ ข.6 ส่วนประกอบของ 1X TBE buffer

สาร	ปริมาณ	ความเข้มข้นสุดท้าย
5X TBE buffer	200 มิลลิลิตร	1X
dH ₂ O	800 มิลลิลิตร	

8. ดีเอ็นเอมาตรฐาน (DNA ladder)

ผสม Gene Ruler 100 bp ปริมาตร 50 ไมโครลิตรกับ 6X loading dye ปริมาตร 50 ไมโครลิตร หรืออัตราส่วน 1:1 แล้วปรับปริมาตรด้วยน้ำกลั่นที่ผ่านการฆ่าเชื้อ (auto clamp) 200 ไมโครลิตร เก็บสารละลายที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส

9. Syber green

ผสม 1X TBE buffer ปริมาตร 1,000 ไมโครลิตรกับ 10X Syber green ปริมาตร 1 ไมโครลิตร หรืออัตราส่วน 1:1,000 เก็บสารละลายที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส

10. Gel red

ผสม 10,000X Gel red stock ปริมาตร 1 ไมโครลิตรกับน้ำกลั่นที่ผ่านการฆ่าเชื้อ (auto clamp) ปริมาตร 1,000 ไมโครลิตร เก็บสารละลายที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ก.1 ความถี่ของอัลลีลในแต่ละโลคัสของสุกรพื้นเมืองภาคใต้

โลคัส	อัลลีล	ความถี่อัลลีล				
		สุราษฎร์ธานี	นครศรีธรรมราช	พังงา	กระบี่-ตรัง	ปัตตานี
S0090	A	0.2500				
	B		0.0694			
	C	0.2500	0.2500	0.3125	0.3750	
	D	0.1875	0.1250	0.0625	0.3333	0.2500
	E	0.2500	0.2500	0.1875	0.2083	0.5000
	F	0.0625	0.1528	0.1250	0.0417	
	G		0.1528	0.3125	0.0417	0.2500
IGF1	A	0.1875	0.0526	0.1562	0.0417	
	B	0.3125	0.1974	0.5938	0.2917	0.5000
	C		0.1579	0.2188	0.2500	0.2500
	D		0.0263			
	E		0.2763		0.1667	0.2500
	F	0.2500	0.0658	0.0312	0.1667	
	G		0.0263			
	H		0.0921		0.0417	
	I	0.1875	0.0526			
	J	0.0625	0.0263			
	K		0.0263		0.0417	
S0026	A	0.1250	0.3289	0.3438	0.2917	
	B	0.0625	0.1053	0.1875	0.1250	0.2500
	C	0.7500	0.4868	0.4688	0.5417	0.7500
	D	0.0625	0.0789		0.0417	
S0226	A	0.1250	0.0658			0.5000
	B		0.0789			
	C	0.1875			0.0417	
	D		0.0658	0.0625	0.0417	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ค.1 (ต่อ)

โลคัส	อัลลีล	ความถี่อัลลีล				
		สุราษฎร์ธานี	นครศรีธรรมราช	พังงา	กระบี่-ตรัง	ปัตตานี
	E	0.0625	0.1316	0.0938	0.2917	
	F	0.1250	0.2237	0.1875	0.4167	
	G	0.1875	0.1316	0.1875	0.0417	
	H	0.3125	0.2105	0.3750	0.1667	
	I		0.0921	0.0938		0.5000
S0155	A	0.5000	0.3816	0.4062	0.2500	0.5000
	B		0.0263		0.0417	
	C		0.0263			
	D			0.0625		
	E		0.0132	0.1875		
	F		0.0526			
	G		0.0789		0.2083	0.2500
	H	0.1875	0.1184		0.1667	
	I		0.0395	0.2188		0.2500
	J	0.1250	0.1447	0.1250	0.2500	
	K	0.1875	0.0658		0.0833	
	L					
	M		0.0526			
S0178	A	0.1875	0.1316			
	B	0.0625	0.0789			0.2500
	C	0.3125	0.1184		0.0833	
	D		0.0658			
	E		0.0789			
	F					0.2500
	G		0.2105	0.7500	0.4167	
	H		0.0132			

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ก.1 (ต่อ)

โลคัส	อัลลีล	ความถี่อัลลีล				
		สุราษฎร์ธานี	นครศรีธรรมราช	พังงา	กระบี่-ตรัง	ปัตตานี
S0228	I	0.4375	0.1316	0.2500	0.4167	0.5000
	J		0.0921			
	K		0.0395		0.0833	
	L		0.0395			
	A		0.0270			
	B	0.2500	0.4189	0.1250	0.2917	
	C	0.4375	0.2703	0.1875	0.2083	
	D		0.0270		0.1250	
	E		0.0135	0.1562		0.2500
	F	0.0625	0.0541		0.1667	0.2500
S0218	G	0.0625	0.1216	0.2188	0.0833	0.5000
	H		0.0405			
	I	0.1875	0.0135	0.0312	0.1250	
	J		0.0135	0.2812		
	A	0.1250			0.2083	
	B	0.2500			0.2083	
	C	0.0625	0.3289	0.0625	0.0417	0.7500
	D		0.0263		0.0833	
	E		0.1711			
	F			0.0312		
SW2008	G		0.1053	0.1562		
	H	0.1250				
	I	0.4375	0.2368	0.6875	0.3333	
	J		0.1316	0.0625	0.1250	0.2500
	A		0.0263			
	B		0.1974	0.3750	0.3750	0.2500

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ค.1 (ต่อ)

โลคัส	อัลลีล	ความถี่อัลลีล				
		สุราษฎร์ธานี	นครศรีธรรมราช	พังงา	กระบี่-ตรัง	ปัตตานี
	C	0.4375	0.3026	0.3438	0.3333	0.5000
	D	0.1875	0.1711	0.2812	0.1250	0.2500
	E	0.3125	0.0789		0.1667	
	F	0.0625	0.1053			
	G		0.1184			
S0143	A	0.1250	0.0263	0.2500		
	B		0.0132		0.1250	
	C		0.0526	0.5625	0.3333	0.2500
	D	0.5625	0.6053	0.0312	0.1667	0.7500
	E		0.1447		0.1250	
	F		0.0789	0.1562	0.2083	
	G	0.3125	0.0132		0.0417	
	H		0.0658			
SW632	A				0.0833	
	B	0.2500	0.3158		0.2917	0.7500
	C	0.5000	0.3289	0.9375	0.3333	
	D	0.0625	0.0658	0.0625	0.1250	
	E		0.0395			
	F		0.0526		0.1667	0.2500
	G		0.0263			
	H	0.1875	0.1711			
SW936	A		0.0921	0.5000	0.2500	
	B				0.0417	0.5000
	C		0.2500		0.0417	
	D		0.0395			
	E		0.0921		0.0417	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ค.1 (ต่อ)

โลคัส	อัลลีล	ความถี่อัลลีล				
		สุราษฎร์ธานี	นครศรีธรรมราช	พังงา	กระบี่-ตรัง	ปัตตานี
	F		0.0395			
	G		0.0132		0.2500	0.2500
	H	0.4375	0.2237	0.1250	0.0833	
	I	0.2500	0.1974	0.2812	0.1667	
	J	0.0625	0.0395	0.0312	0.0417	0.2500
	K	0.2500	0.0132	0.0625	0.0833	
SW2406	A	0.0625	0.1711	0.1250	0.2917	
	B		0.0658	0.0312		
	C	0.2500		0.0938		
	D					0.5000
	E	0.0625	0.1579		0.0417	0.5000
	F	0.1250	0.2105	0.5312		
	G		0.0263	0.0625	0.3333	
	H	0.0625	0.0658	0.1250	0.2500	
	I	0.4375	0.2632	0.0312	0.0417	
	J		0.0395		0.0417	
SW857	A	0.1875	0.4079	0.2500	0.5417	0.2500
	B		0.0132		0.0417	
	C	0.0625	0.2895	0.1562	0.0417	0.2500
	D		0.0789	0.1562	0.0833	0.2500
	E		0.0395	0.1875	0.1250	
	F	0.2500	0.0263	0.1562		0.2500
	G	0.5000	0.0658	0.0938	0.1667	
	H		0.0789			
SW240	A	0.6875	0.5921	0.6875	0.5000	1.0000
	B	0.1875	0.0132			

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ค.1 (ต่อ)

โลคัส	อัลลีล	ความถี่อัลลีล				
		สุราษฎร์ธานี	นครศรีธรรมราช	พังงา	กระบี่-ตรัง	ปัตตานี
	C	0.1250	0.0132		0.0833	
	D			0.0625		
	E		0.0789	0.0938	0.1667	
	F		0.0789	0.1562	0.0833	
	G		0.0263		0.1250	
	H		0.0263			
	I		0.1711		0.0417	



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ก.2 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีแต่ละโลคัสของสุกรพื้นเมืองจังหวัดสุราษฎร์ธานี
และค่า p-value (Hardy-Weinberg Equilibrium)

โลคัส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี		p-value
		จากการสังเกต	จากทฤษฎี	
S0090	5	0.8750	0.8250	0.7500
IGF1	5	1.0000	0.8167	0.5600
S0026	4	0.2500	0.4417	0.0100
S0226	6	0.7500	0.8500	0.0080
S0155	4	0.7500	0.7083	0.8800
S0178	4	1.0000	0.7167	0.1000
S0228	5	1.0000	0.7500	0.0100
S0218	5	0.1250	0.7583	0.000013
SW2008	4	0.8750	0.7167	0.4300
S0143	3	0.6250	0.6083	0.0007
SW632	4	0.8750	0.6917	0.2100
SW936	4	0.6250	0.7250	0.0100
SW2406	6	0.7500	0.7667	0.0040
SW857	4	1.0000	0.6917	0.3200
SW240	3	0.5000	0.5083	0.7100
เฉลี่ย	4.4	0.7333	0.7050	
St. Dev	0.9103	0.2709	0.1118	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ก.3 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีในแต่ละโลคัสของสุกรพื้นเมืองจังหวัดนครศรี-
ธรรมราชและค่า p-value (Hardy-Weinberg Equilibrium)

โลคัส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี		p-value
		จากการสังเกต	จากทฤษฎี	
S0090	6	1.0000	0.8192	0.0001
IGF1	11	0.8947	0.8498	0.3800
S0026	4	0.5263	0.6460	0.000045
S0226	8	0.9474	0.8589	0.0001
S0155	11	0.8158	0.8109	0.0800
S0178	11	0.8421	0.8902	0.00006
S0228	10	0.8108	0.7401	0.0100
S0218	6	0.3684	0.7877	0.0000
SW2008	7	1.0000	0.8189	0.00001
S0143	8	0.4211	0.6063	0.0000
SW632	7	0.6316	0.7635	0.0510
SW936	10	0.6053	0.8375	0.00089
SW2406	8	0.6842	0.8323	0.0043
SW857	8	0.8421	0.7404	0.0168
SW240	8	0.4737	0.6140	0.0700
เฉลี่ย	8.2	0.7242	0.7744	
St. Dev	2.0771	0.2103	0.0894	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ค.4 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีในแต่ละโลคัสของสุกรพื้นเมืองจังหวัดพังงาและ
ค่า p-value (Hardy-Weinberg Equilibrium)

โลคัส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี		p-value
		จากการสังเกต	จากทฤษฎี	
S0090	5	1.0000	0.7742	0.1800
IGF1	4	0.6250	0.5927	0.3900
S0026	3	0.5625	0.6472	0.0051
S0226	6	0.7500	0.7923	0.0000
S0155	5	0.8125	0.7560	0.1500
S0178	2	0.2500	0.3871	0.1300
S0228	6	0.9375	0.8226	0.4400
S0218	5	0.4375	0.5101	0.5600
SW2008	3	0.8125	0.6835	0.0300
S0143	4	0.6250	0.6149	0.6700
SW632	2	0.1250	0.1210	0.8500
SW936	5	0.5625	0.6714	0.0000
SW2406	7	0.5000	0.6935	0.0600
SW857	6	0.7500	0.8468	0.0010
SW240	4	0.3125	0.5060	0.0000
เฉลี่ย	4.4667	0.6042	0.6280	
St. Dev	1.5055	0.2507	0.1900	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ก.5 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีในแต่ละโลคัสของสุกรพื้นเมืองจังหวัดกระบี่และ
ตรังและค่า p-value (Hardy-Weinberg Equilibrium)

โลคัส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี		p-value
		จากการสังเกต	จากทฤษฎี	
S0090	5	1.0000	0.7319	0.2000
IGF1	7	0.9167	0.8261	0.6600
S0026	4	0.5000	0.6304	0.3500
S0226	6	1.0000	0.7391	0.0008
S0155	6	0.8333	0.8297	0.0200
S0178	4	0.5000	0.6667	0.0005
S0228	6	0.8333	0.8406	0.4450
S0218	6	0.4167	0.8116	0.0100
SW2008	4	1.0000	0.7355	0.0200
S0143	6	0.6667	0.8188	0.0800
SW632	5	1.0000	0.7862	0.5400
SW936	9	0.4167	0.8623	0.0005
SW2406	6	0.5000	0.7681	0.5100
SW857	6	0.8333	0.6812	0.4000
SW240	6	0.5833	0.7210	0.1200
เฉลี่ย	5.7333	0.7333	0.7633	
St. Dev	1.2799	0.0697	0.0668	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ ก.6 จำนวนอัลลีล ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตีในแต่ละโลคัสของสุกรพื้นเมืองจังหวัดปัตตานี
และค่า p-value (Hardy-Weinberg Equilibrium)

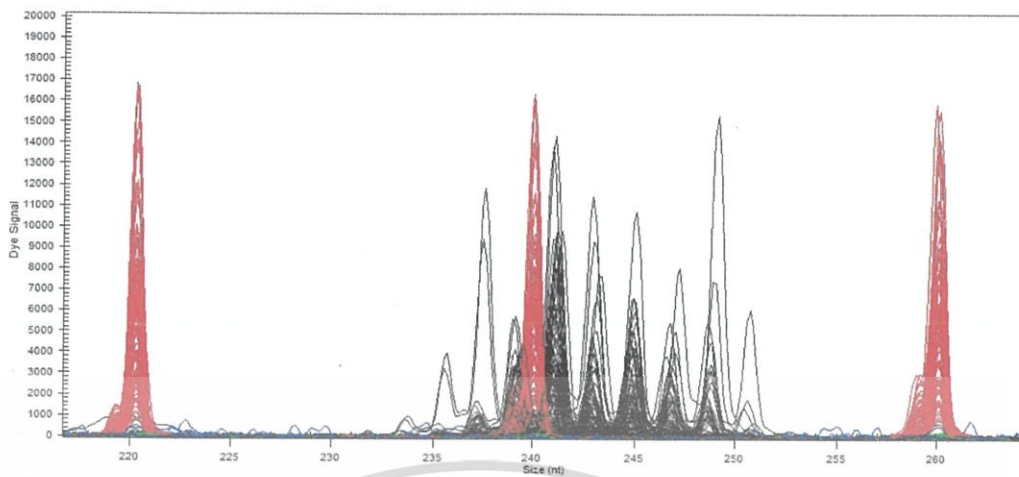
โลคัส	จำนวนอัลลีล	ค่าเฮตเทอโรไซโกซิตี		p-value
		จากการสังเกต	จากทฤษฎี	
S0090	3	1.0000	0.8333	0.8000
IGF1	3	0.5000	0.8333	0.2600
S0026	2	0.5000	0.5000	1.0000
S0226	2	1.0000	1.0000	1.0000
S0155	3	0.5000	0.8333	0.2600
S0178	3	0.5000	0.8333	0.2600
S0228	3	1.0000	0.8333	0.8000
S0218	2	0.5000	0.5000	1.0000
SW2008	3	1.0000	0.8333	1.0000
S0143	2	0.5000	0.5000	1.0000
SW632	2	0.5000	0.5000	1.0000
SW936	3	0.5000	0.8333	0.2600
SW2406	2	0.0000	0.6667	0.0400
SW857	4	1.0000	1.0000	0.6700
SW240	1	0.0000	0.0000	-
เฉลี่ย	2.533	0.6000	0.7000	
St. Dev	0.7432	0.3381	0.2613	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

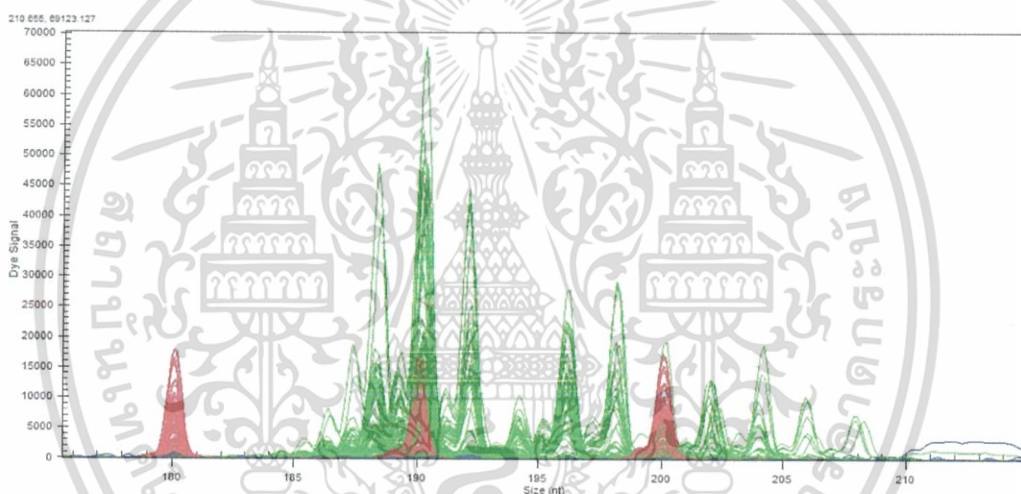


ภาคผนวก ง

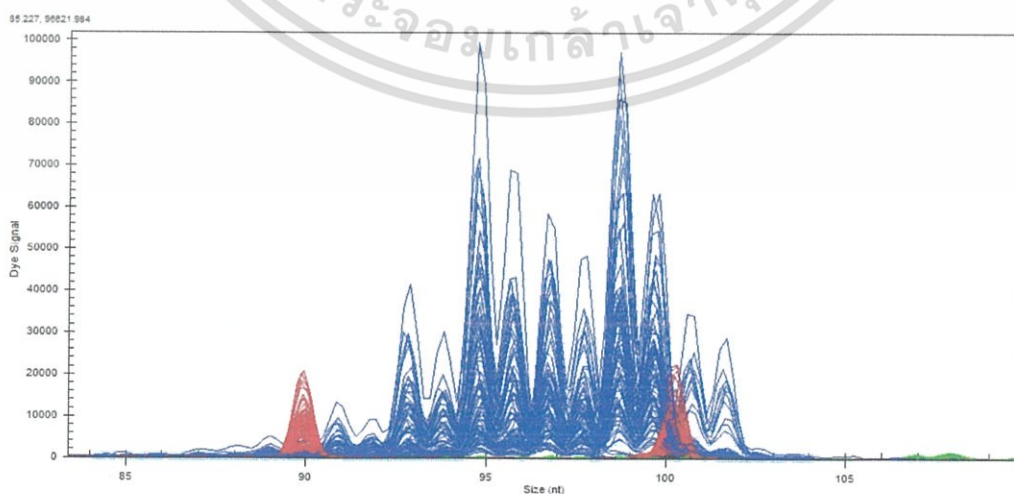
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



ภาพที่ ง.1 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0090 (สีดำ)

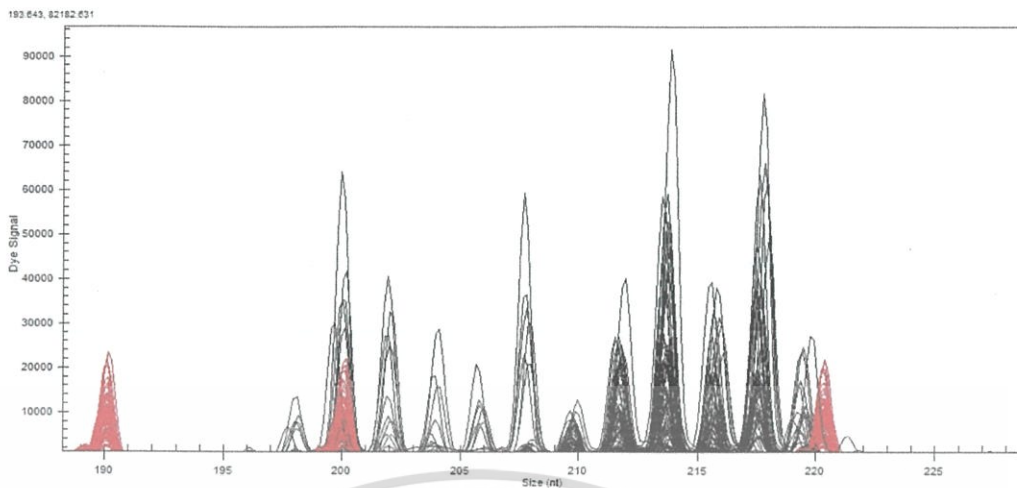


ภาพที่ ง.2 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส IGF1 (สีเขียว)

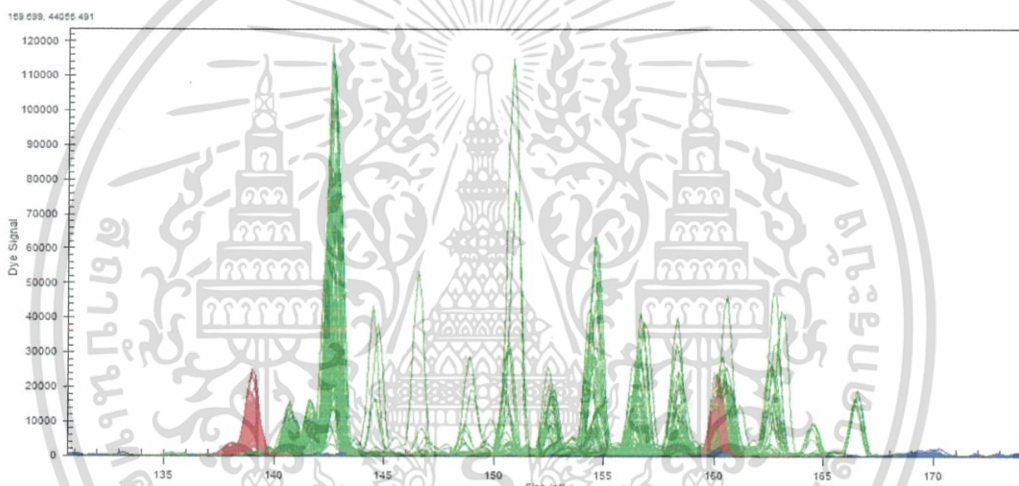


ภาพที่ ง.3 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0026 (สีน้ำเงิน)

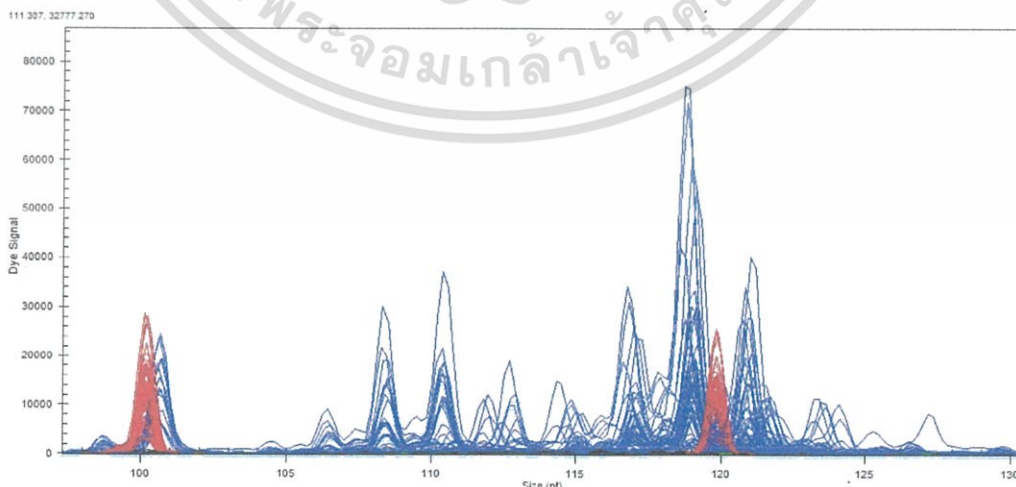
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



ภาพที่ ๓.4 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0226 (สีดำ)

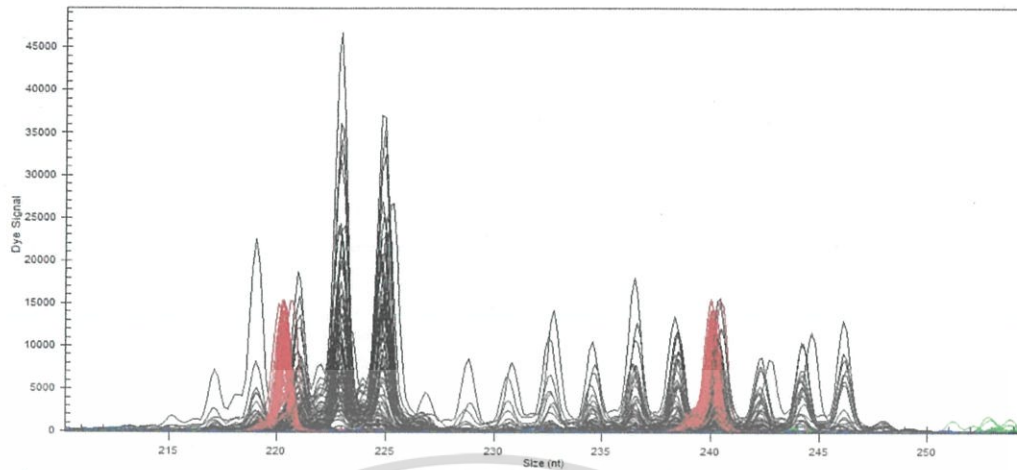


ภาพที่ ๓.5 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0155 (สีเขียว)

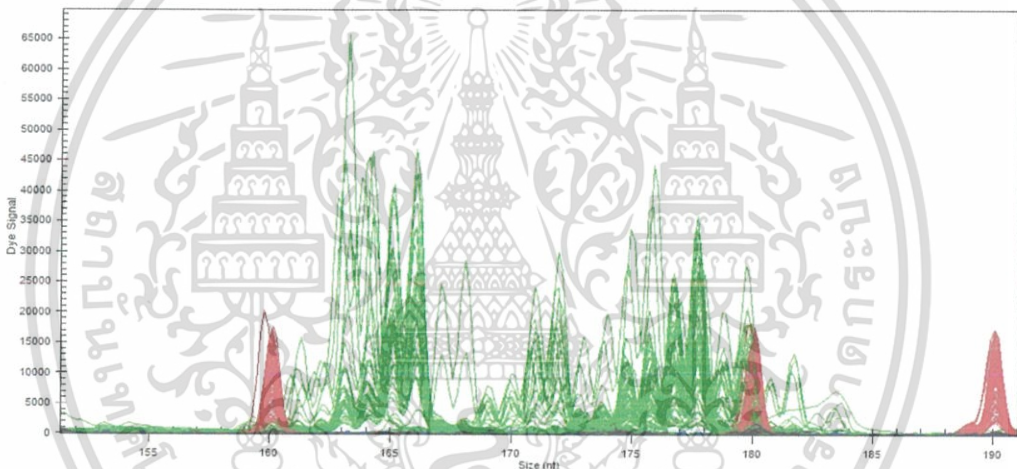


ภาพที่ ๓.6 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0178 (สีน้ำเงิน)

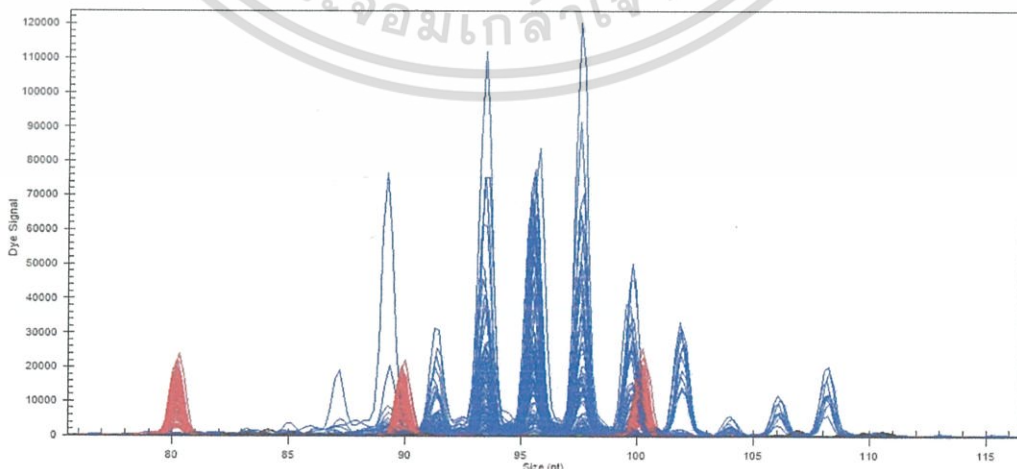
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



ภาพที่ ง.7 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0228 (สีดำ)

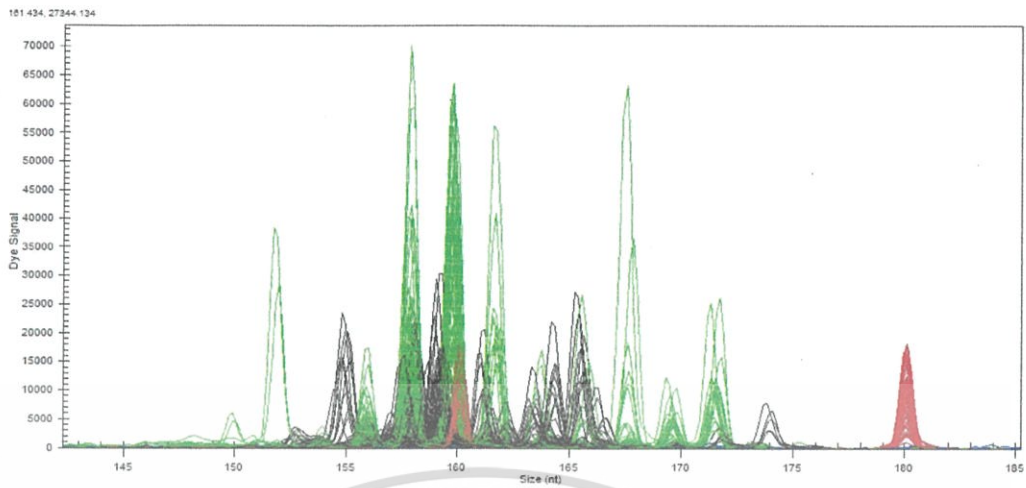


ภาพที่ ง.8 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0218 (สีเขียว)

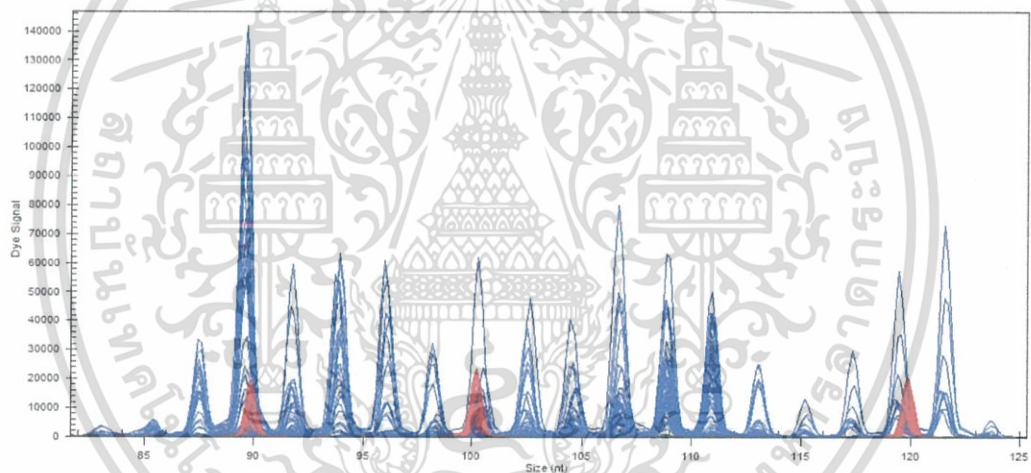


ภาพที่ ง.9 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส SW2008 (สีน้ำเงิน)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

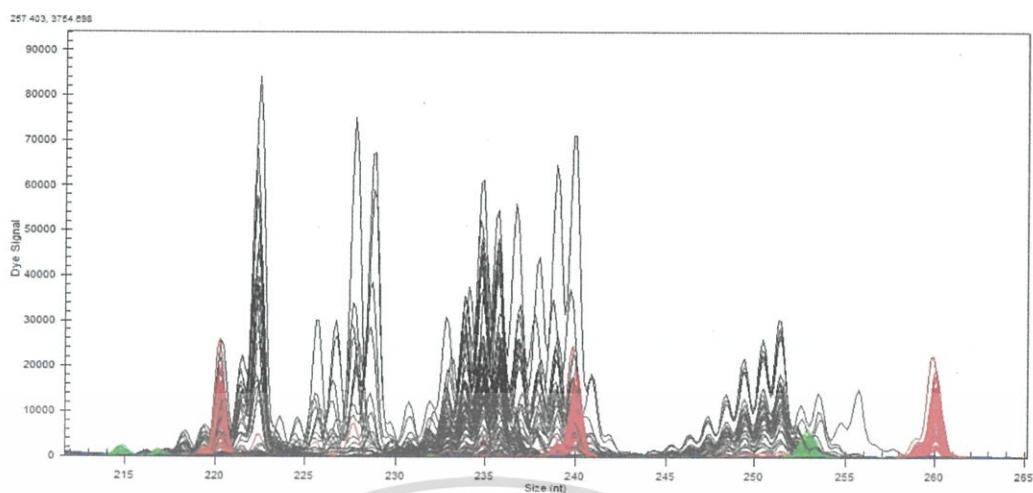


ภาพที่ ง.10 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส S0143 (สีดำ) SW632 (สีเขียว)

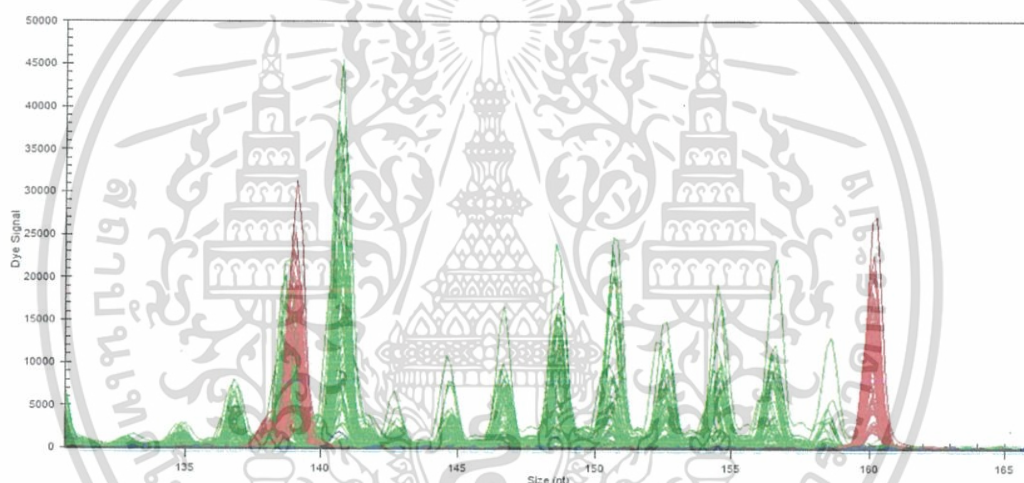


ภาพที่ ง.11 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส SW936 (สีน้ำเงิน)

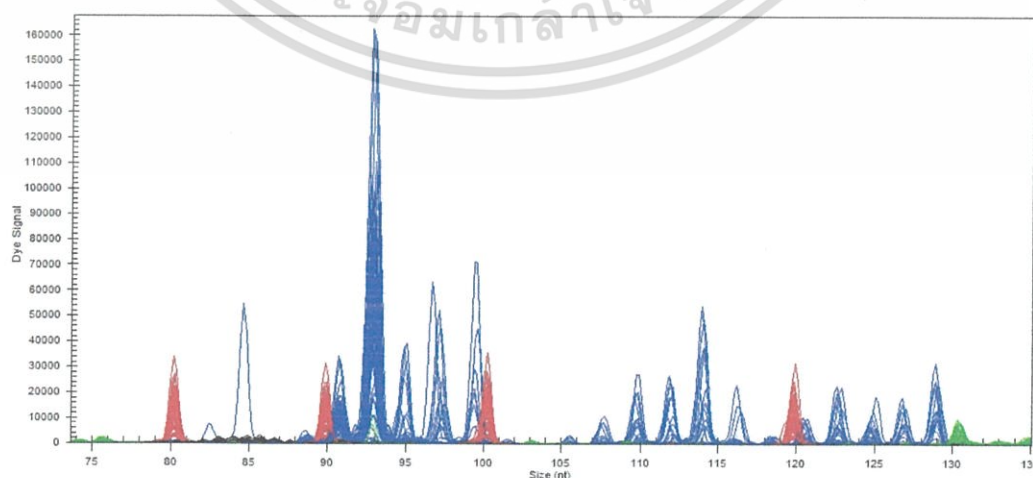
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



ภาพที่ ง.12 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส SW2406 (สีดำ)



ภาพที่ ง.13 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส SW857 (สีเขียว)



ภาพที่ ง.14 กราฟดีเอ็นเอจากการตรวจสอบไมโครแซเทลไลท์ที่โลคัส SW240 (สีน้ำเงิน)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ค่าความเหมือนของลำดับเบสของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ

วิเคราะห์ด้วยโปรแกรม CLUSTALW 2.0.8 Multiple Sequence Alignment โดยลำดับเบสที่ใช้ในการวิเคราะห์ได้แก่

Sus scrofa : AJ002189.1

จีน (KC469586.1, AM040648.1)

ไต้หวัน (KF601700.1)

เกาหลี (AY534288.1, DQ207755.1)

ญี่ปุ่น (AB015084.1, AB015087.1)

สายพันธุ์เชิงการค้า (AB041489.1, AB041492.1, AB041496.1, AB015094.1)

สุกรพื้นเมืองภาคใต้ : ST1, ST1, ST3, ST5, ST7, ST9, ST11, ST13, ST15, ST17, ST19, ST21, ST23, ST35, ST37, ST39, ST41, ST43, ST45, ST47, ST49, ST53, ST55, ST57, ST59 และ ST61

CLUSTAL 2.0.8 Multiple Sequence Alignments

Sequence 1: AJ002189.1	16680 bp	Sequence 18: ST-43	1249 bp
Sequence 2: ST-1	1212 bp	Sequence 19: ST-45	1240 bp
Sequence 3: ST-3	1192 bp	Sequence 20: ST-47	1199 bp
Sequence 4: ST-5	1208 bp	Sequence 21: ST-49	1206 bp
Sequence 5: ST-7	1233 bp	Sequence 22: ST-53	1249 bp
Sequence 6: ST-9	1225 bp	Sequence 23: ST-55	1234 bp
Sequence 7: ST-11	1237 bp	Sequence 24: ST-57	1244 bp
Sequence 8: ST-13	1207 bp	Sequence 25: ST-59	1242 bp
Sequence 9: ST-15	1212 bp	Sequence 26: ST-61	1210 bp
Sequence 10: ST-17	1223 bp	Sequence 27: Thailand Wild boar	1261 bp
Sequence 11: ST-19	1244 bp	Sequence 28: Jinhua	1217 bp
Sequence 12: ST-21	1226 bp	Sequence 29: Meishne	1194 bp
Sequence 13: ST-23	1183 bp	Sequence 30: Korean Wild boar	1241 bp
Sequence 14: ST-35	1222 bp	Sequence 31: Pietrain	1209 bp
Sequence 15: ST-37	1241 bp	Sequence 32: Large White	1241 bp
Sequence 16: ST-39	1192 bp	Sequence 33: Taoyuan pig	841 bp
Sequence 17: ST-41	1222 bp	Sequence 34: Pietrain	1045 bp

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่จัดทำขึ้นสำหรับการศึกษาค้นคว้าเท่านั้น ไม่สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequence 35: LargeWhite	1045 bp	Sequence 38: Japanese Wild boar	1044 bp
Sequence 36: Landrace	1045 bp	Sequence 39: Korean Wild boar	1134 bp
Sequence 37: European Wild boar	1045 bp	Sequence 40: Ryukyu Wild boar	1044 bp

Sequences (1:2) Aligned. Score: 96	Sequences (1:8) Aligned. Score: 95
Sequences (1:3) Aligned. Score: 96	Sequences (1:9) Aligned. Score: 94
Sequences (1:4) Aligned. Score: 96	Sequences (1:10) Aligned. Score: 93
Sequences (1:5) Aligned. Score: 95	Sequences (1:11) Aligned. Score: 92
Sequences (1:6) Aligned. Score: 94	Sequences (1:12) Aligned. Score: 95
Sequences (1:7) Aligned. Score: 93	Sequences (1:13) Aligned. Score: 98
Sequences (1:14) Aligned. Score: 94	Sequences (1:36) Aligned. Score: 99
Sequences (1:15) Aligned. Score: 93	Sequences (1:37) Aligned. Score: 98
Sequences (1:16) Aligned. Score: 97	Sequences (1:38) Aligned. Score: 98
Sequences (1:17) Aligned. Score: 94	Sequences (1:39) Aligned. Score: 98
Sequences (1:18) Aligned. Score: 92	Sequences (1:40) Aligned. Score: 98
Sequences (1:19) Aligned. Score: 93	Sequences (2:3) Aligned. Score: 99
Sequences (1:20) Aligned. Score: 96	Sequences (2:4) Aligned. Score: 98
Sequences (1:21) Aligned. Score: 96	Sequences (2:5) Aligned. Score: 99
Sequences (1:22) Aligned. Score: 92	Sequences (2:6) Aligned. Score: 98
Sequences (1:23) Aligned. Score: 93	Sequences (2:7) Aligned. Score: 96
Sequences (1:24) Aligned. Score: 93	Sequences (2:8) Aligned. Score: 96
Sequences (1:25) Aligned. Score: 93	Sequences (2:9) Aligned. Score: 97
Sequences (1:26) Aligned. Score: 96	Sequences (2:10) Aligned. Score: 97
Sequences (1:27) Aligned. Score: 91	Sequences (2:11) Aligned. Score: 98
Sequences (1:28) Aligned. Score: 95	Sequences (2:12) Aligned. Score: 96
Sequences (1:29) Aligned. Score: 98	Sequences (2:13) Aligned. Score: 98
Sequences (1:30) Aligned. Score: 92	Sequences (2:14) Aligned. Score: 95
Sequences (1:31) Aligned. Score: 96	Sequences (2:15) Aligned. Score: 96
Sequences (1:32) Aligned. Score: 94	Sequences (2:16) Aligned. Score: 98
Sequences (1:33) Aligned. Score: 98	Sequences (2:17) Aligned. Score: 95
Sequences (1:34) Aligned. Score: 99	Sequences (2:18) Aligned. Score: 97
Sequences (1:35) Aligned. Score: 99	Sequences (2:19) Aligned. Score: 96

เอกสารนี้เป็นทรัพย์สินทางปัญญาที่สงวนลิขสิทธิ์ไว้เพื่อการศึกษาและวิจัยเท่านั้น ไม่สามารถนำออกจำหน่าย การค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (2:20) Aligned. Score: 96	Sequences (2:30) Aligned. Score: 97
Sequences (2:21) Aligned. Score: 98	Sequences (2:31) Aligned. Score: 95
Sequences (2:22) Aligned. Score: 96	Sequences (2:32) Aligned. Score: 94
Sequences (2:23) Aligned. Score: 96	Sequences (2:33) Aligned. Score: 96
Sequences (2:24) Aligned. Score: 96	Sequences (2:34) Aligned. Score: 95
Sequences (2:25) Aligned. Score: 96	Sequences (2:35) Aligned. Score: 94
Sequences (2:26) Aligned. Score: 96	Sequences (2:36) Aligned. Score: 95
Sequences (2:27) Aligned. Score: 95	Sequences (2:37) Aligned. Score: 95
Sequences (2:28) Aligned. Score: 96	Sequences (2:38) Aligned. Score: 96
Sequences (2:29) Aligned. Score: 98	Sequences (2:39) Aligned. Score: 96
Sequences (2:40) Aligned. Score: 96	Sequences (3:25) Aligned. Score: 97
Sequences (3:4) Aligned. Score: 99	Sequences (3:26) Aligned. Score: 97
Sequences (3:5) Aligned. Score: 99	Sequences (3:27) Aligned. Score: 96
Sequences (3:6) Aligned. Score: 98	Sequences (3:28) Aligned. Score: 96
Sequences (3:7) Aligned. Score: 97	Sequences (3:29) Aligned. Score: 97
Sequences (3:8) Aligned. Score: 96	Sequences (3:30) Aligned. Score: 97
Sequences (3:9) Aligned. Score: 98	Sequences (3:31) Aligned. Score: 95
Sequences (3:10) Aligned. Score: 98	Sequences (3:32) Aligned. Score: 95
Sequences (3:11) Aligned. Score: 98	Sequences (3:33) Aligned. Score: 95
Sequences (3:12) Aligned. Score: 97	Sequences (3:34) Aligned. Score: 94
Sequences (3:13) Aligned. Score: 97	Sequences (3:35) Aligned. Score: 94
Sequences (3:14) Aligned. Score: 96	Sequences (3:36) Aligned. Score: 94
Sequences (3:15) Aligned. Score: 97	Sequences (3:37) Aligned. Score: 95
Sequences (3:16) Aligned. Score: 97	Sequences (3:38) Aligned. Score: 96
Sequences (3:17) Aligned. Score: 96	Sequences (3:39) Aligned. Score: 96
Sequences (3:18) Aligned. Score: 98	Sequences (3:40) Aligned. Score: 96
Sequences (3:19) Aligned. Score: 97	Sequences (4:5) Aligned. Score: 98
Sequences (3:20) Aligned. Score: 97	Sequences (4:6) Aligned. Score: 97
Sequences (3:21) Aligned. Score: 98	Sequences (4:7) Aligned. Score: 97
Sequences (3:22) Aligned. Score: 96	Sequences (4:8) Aligned. Score: 97
Sequences (3:23) Aligned. Score: 97	Sequences (4:9) Aligned. Score: 98
Sequences (3:24) Aligned. Score: 97	Sequences (4:10) Aligned. Score: 97

เอกสารนี้เป็นทรัพย์สินทางปัญญาของมหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์สงขลาเพื่อการศึกษาและการวิจัยเท่านั้น ไม่สามารถนำออกจำหน่ายหรือใช้เพื่อวัตถุประสงค์อื่นใด

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (4:11) Aligned. Score: 98	Sequences (4:21) Aligned. Score: 98
Sequences (4:12) Aligned. Score: 97	Sequences (4:22) Aligned. Score: 96
Sequences (4:13) Aligned. Score: 98	Sequences (4:23) Aligned. Score: 97
Sequences (4:14) Aligned. Score: 96	Sequences (4:24) Aligned. Score: 98
Sequences (4:15) Aligned. Score: 98	Sequences (4:25) Aligned. Score: 96
Sequences (4:16) Aligned. Score: 97	Sequences (4:26) Aligned. Score: 96
Sequences (4:17) Aligned. Score: 96	Sequences (4:27) Aligned. Score: 96
Sequences (4:18) Aligned. Score: 98	Sequences (4:28) Aligned. Score: 96
Sequences (4:19) Aligned. Score: 98	Sequences (4:29) Aligned. Score: 97
Sequences (4:20) Aligned. Score: 96	Sequences (4:30) Aligned. Score: 97
Sequences (4:31) Aligned. Score: 95	Sequences (5:18) Aligned. Score: 97
Sequences (4:32) Aligned. Score: 95	Sequences (5:19) Aligned. Score: 95
Sequences (4:33) Aligned. Score: 96	Sequences (5:20) Aligned. Score: 96
Sequences (4:34) Aligned. Score: 95	Sequences (5:21) Aligned. Score: 98
Sequences (4:35) Aligned. Score: 95	Sequences (5:22) Aligned. Score: 94
Sequences (4:36) Aligned. Score: 95	Sequences (5:23) Aligned. Score: 94
Sequences (4:37) Aligned. Score: 95	Sequences (5:24) Aligned. Score: 95
Sequences (4:38) Aligned. Score: 96	Sequences (5:25) Aligned. Score: 94
Sequences (4:39) Aligned. Score: 96	Sequences (5:26) Aligned. Score: 96
Sequences (4:40) Aligned. Score: 96	Sequences (5:27) Aligned. Score: 95
Sequences (5:6) Aligned. Score: 98	Sequences (5:28) Aligned. Score: 95
Sequences (5:7) Aligned. Score: 94	Sequences (5:29) Aligned. Score: 98
Sequences (5:8) Aligned. Score: 96	Sequences (5:30) Aligned. Score: 95
Sequences (5:9) Aligned. Score: 97	Sequences (5:31) Aligned. Score: 95
Sequences (5:10) Aligned. Score: 96	Sequences (5:32) Aligned. Score: 93
Sequences (5:11) Aligned. Score: 96	Sequences (5:33) Aligned. Score: 96
Sequences (5:12) Aligned. Score: 95	Sequences (5:34) Aligned. Score: 95
Sequences (5:13) Aligned. Score: 98	Sequences (5:35) Aligned. Score: 95
Sequences (5:14) Aligned. Score: 94	Sequences (5:36) Aligned. Score: 95
Sequences (5:15) Aligned. Score: 95	Sequences (5:37) Aligned. Score: 95
Sequences (5:16) Aligned. Score: 99	Sequences (5:38) Aligned. Score: 96
Sequences (5:17) Aligned. Score: 94	Sequences (5:39) Aligned. Score: 96

เอกสารนี้เป็นลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยราชภัฏวไลยอลงกรณ์ฯ เพื่อการศึกษาและเผยแพร่โดยไม่แสวงหากำไร การนำเอกสารนี้ไปใช้โดยไม่ได้รับอนุญาตถือว่าผิดกฎหมาย

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (5:40) Aligned. Score: 96	Sequences (6:38) Aligned. Score: 95
Sequences (6:7) Aligned. Score: 96	Sequences (6:39) Aligned. Score: 95
Sequences (6:8) Aligned. Score: 95	Sequences (6:40) Aligned. Score: 95
Sequences (6:9) Aligned. Score: 97	Sequences (7:8) Aligned. Score: 98
Sequences (6:10) Aligned. Score: 96	Sequences (7:9) Aligned. Score: 98
Sequences (6:11) Aligned. Score: 96	Sequences (7:10) Aligned. Score: 98
Sequences (6:12) Aligned. Score: 95	Sequences (7:11) Aligned. Score: 98
Sequences (6:13) Aligned. Score: 97	Sequences (7:12) Aligned. Score: 98
Sequences (6:14) Aligned. Score: 95	Sequences (7:13) Aligned. Score: 96
Sequences (6:15) Aligned. Score: 95	Sequences (7:14) Aligned. Score: 98
Sequences (6:16) Aligned. Score: 98	Sequences (7:15) Aligned. Score: 98
Sequences (6:17) Aligned. Score: 94	Sequences (7:16) Aligned. Score: 95
Sequences (6:18) Aligned. Score: 97	Sequences (7:17) Aligned. Score: 97
Sequences (6:19) Aligned. Score: 95	Sequences (7:18) Aligned. Score: 98
Sequences (6:20) Aligned. Score: 95	Sequences (7:19) Aligned. Score: 98
Sequences (6:21) Aligned. Score: 97	Sequences (7:20) Aligned. Score: 98
Sequences (6:22) Aligned. Score: 94	Sequences (7:21) Aligned. Score: 98
Sequences (6:23) Aligned. Score: 96	Sequences (7:22) Aligned. Score: 97
Sequences (6:24) Aligned. Score: 95	Sequences (7:23) Aligned. Score: 99
Sequences (6:25) Aligned. Score: 95	Sequences (7:24) Aligned. Score: 98
Sequences (6:26) Aligned. Score: 95	Sequences (7:25) Aligned. Score: 98
Sequences (6:27) Aligned. Score: 94	Sequences (7:26) Aligned. Score: 98
Sequences (6:28) Aligned. Score: 95	Sequences (7:27) Aligned. Score: 97
Sequences (6:29) Aligned. Score: 97	Sequences (7:28) Aligned. Score: 98
Sequences (6:30) Aligned. Score: 96	Sequences (7:29) Aligned. Score: 96
Sequences (6:31) Aligned. Score: 94	Sequences (7:30) Aligned. Score: 97
Sequences (6:32) Aligned. Score: 93	Sequences (7:31) Aligned. Score: 97
Sequences (6:33) Aligned. Score: 94	Sequences (7:32) Aligned. Score: 96
Sequences (6:34) Aligned. Score: 93	Sequences (7:33) Aligned. Score: 98
Sequences (6:35) Aligned. Score: 93	Sequences (7:34) Aligned. Score: 97
Sequences (6:36) Aligned. Score: 93	Sequences (7:35) Aligned. Score: 96
Sequences (6:37) Aligned. Score: 93	Sequences (7:36) Aligned. Score: 97

เอกสารนี้เป็นลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยราชภัฏวไลยอลงกรณ์เพื่อการศึกษาและวิจัยเฉพาะทางวิชาการ
 ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (7:37) Aligned. Score: 97	Sequences (8:37) Aligned. Score: 97
Sequences (7:38) Aligned. Score: 98	Sequences (8:38) Aligned. Score: 98
Sequences (7:39) Aligned. Score: 98	Sequences (8:39) Aligned. Score: 98
Sequences (7:40) Aligned. Score: 98	Sequences (8:40) Aligned. Score: 98
Sequences (8:9) Aligned. Score: 97	Sequences (9:10) Aligned. Score: 99
Sequences (8:10) Aligned. Score: 97	Sequences (9:11) Aligned. Score: 99
Sequences (8:11) Aligned. Score: 97	Sequences (9:12) Aligned. Score: 97
Sequences (8:12) Aligned. Score: 98	Sequences (9:13) Aligned. Score: 97
Sequences (8:13) Aligned. Score: 96	Sequences (9:14) Aligned. Score: 97
Sequences (8:14) Aligned. Score: 98	Sequences (9:15) Aligned. Score: 98
Sequences (8:15) Aligned. Score: 98	Sequences (9:16) Aligned. Score: 96
Sequences (8:16) Aligned. Score: 94	Sequences (9:17) Aligned. Score: 97
Sequences (8:17) Aligned. Score: 99	Sequences (9:18) Aligned. Score: 99
Sequences (8:18) Aligned. Score: 97	Sequences (9:19) Aligned. Score: 98
Sequences (8:19) Aligned. Score: 98	Sequences (9:20) Aligned. Score: 97
Sequences (8:20) Aligned. Score: 97	Sequences (9:21) Aligned. Score: 99
Sequences (8:21) Aligned. Score: 97	Sequences (9:22) Aligned. Score: 97
Sequences (8:22) Aligned. Score: 98	Sequences (9:23) Aligned. Score: 98
Sequences (8:23) Aligned. Score: 98	Sequences (9:24) Aligned. Score: 98
Sequences (8:24) Aligned. Score: 98	Sequences (9:25) Aligned. Score: 97
Sequences (8:25) Aligned. Score: 99	Sequences (9:26) Aligned. Score: 96
Sequences (8:26) Aligned. Score: 98	Sequences (9:27) Aligned. Score: 97
Sequences (8:27) Aligned. Score: 98	Sequences (9:28) Aligned. Score: 97
Sequences (8:28) Aligned. Score: 98	Sequences (9:29) Aligned. Score: 97
Sequences (8:29) Aligned. Score: 95	Sequences (9:30) Aligned. Score: 98
Sequences (8:30) Aligned. Score: 96	Sequences (9:31) Aligned. Score: 95
Sequences (8:31) Aligned. Score: 97	Sequences (9:32) Aligned. Score: 95
Sequences (8:32) Aligned. Score: 97	Sequences (9:33) Aligned. Score: 96
Sequences (8:33) Aligned. Score: 98	Sequences (9:34) Aligned. Score: 95
Sequences (8:34) Aligned. Score: 97	Sequences (9:35) Aligned. Score: 95
Sequences (8:35) Aligned. Score: 97	Sequences (9:36) Aligned. Score: 95
Sequences (8:36) Aligned. Score: 97	Sequences (9:37) Aligned. Score: 95

เอกสารนี้เป็นลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยราชภัฏวไลยอลงกรณ์เพื่อการศึกษาและเผยแพร่งานวิจัยที่มีประโยชน์ต่อการพัฒนาการเรียนการสอน

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (9:38) Aligned. Score: 97	Sequences (10:40) Aligned. Score: 96
Sequences (9:39) Aligned. Score: 97	Sequences (11:12) Aligned. Score: 97
Sequences (9:40) Aligned. Score: 96	Sequences (11:13) Aligned. Score: 97
Sequences (10:11) Aligned. Score: 99	Sequences (11:14) Aligned. Score: 97
Sequences (10:12) Aligned. Score: 97	Sequences (11:15) Aligned. Score: 98
Sequences (10:13) Aligned. Score: 97	Sequences (11:16) Aligned. Score: 96
Sequences (10:14) Aligned. Score: 97	Sequences (11:17) Aligned. Score: 97
Sequences (10:15) Aligned. Score: 98	Sequences (11:18) Aligned. Score: 98
Sequences (10:16) Aligned. Score: 96	Sequences (11:19) Aligned. Score: 98
Sequences (10:17) Aligned. Score: 96	Sequences (11:20) Aligned. Score: 97
Sequences (10:18) Aligned. Score: 98	Sequences (11:21) Aligned. Score: 99
Sequences (10:19) Aligned. Score: 98	Sequences (11:22) Aligned. Score: 97
Sequences (10:20) Aligned. Score: 97	Sequences (11:23) Aligned. Score: 97
Sequences (10:21) Aligned. Score: 98	Sequences (11:24) Aligned. Score: 98
Sequences (10:22) Aligned. Score: 96	Sequences (11:25) Aligned. Score: 98
Sequences (10:23) Aligned. Score: 98	Sequences (11:26) Aligned. Score: 97
Sequences (10:24) Aligned. Score: 98	Sequences (11:27) Aligned. Score: 97
Sequences (10:25) Aligned. Score: 97	Sequences (11:28) Aligned. Score: 97
Sequences (10:26) Aligned. Score: 96	Sequences (11:29) Aligned. Score: 97
Sequences (10:27) Aligned. Score: 97	Sequences (11:30) Aligned. Score: 98
Sequences (10:28) Aligned. Score: 97	Sequences (11:31) Aligned. Score: 96
Sequences (10:29) Aligned. Score: 96	Sequences (11:32) Aligned. Score: 96
Sequences (10:30) Aligned. Score: 97	Sequences (11:33) Aligned. Score: 97
Sequences (10:31) Aligned. Score: 95	Sequences (11:34) Aligned. Score: 95
Sequences (10:32) Aligned. Score: 95	Sequences (11:35) Aligned. Score: 95
Sequences (10:33) Aligned. Score: 96	Sequences (11:36) Aligned. Score: 95
Sequences (10:34) Aligned. Score: 95	Sequences (11:37) Aligned. Score: 96
Sequences (10:35) Aligned. Score: 95	Sequences (11:38) Aligned. Score: 97
Sequences (10:36) Aligned. Score: 95	Sequences (11:39) Aligned. Score: 97
Sequences (10:37) Aligned. Score: 95	Sequences (11:40) Aligned. Score: 97
Sequences (10:38) Aligned. Score: 97	Sequences (12:13) Aligned. Score: 97
Sequences (10:39) Aligned. Score: 97	Sequences (12:14) Aligned. Score: 98

เอกสารนี้เป็นลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยราชภัฏวไลยอลงกรณ์เพื่อการศึกษาและวิจัยในวงจำกัดโดยไม่หวังผลกำไร การนำเอกสารนี้ไปใช้ในการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (12:15) Aligned. Score: 98	Sequences (13:20) Aligned. Score: 97
Sequences (12:16) Aligned. Score: 95	Sequences (13:21) Aligned. Score: 97
Sequences (12:17) Aligned. Score: 97	Sequences (13:22) Aligned. Score: 96
Sequences (12:18) Aligned. Score: 97	Sequences (13:23) Aligned. Score: 97
Sequences (12:19) Aligned. Score: 98	Sequences (13:24) Aligned. Score: 97
Sequences (12:20) Aligned. Score: 99	Sequences (13:25) Aligned. Score: 96
Sequences (12:21) Aligned. Score: 98	Sequences (13:26) Aligned. Score: 97
Sequences (12:22) Aligned. Score: 98	Sequences (13:27) Aligned. Score: 96
Sequences (12:23) Aligned. Score: 98	Sequences (13:28) Aligned. Score: 96
Sequences (12:24) Aligned. Score: 98	Sequences (13:29) Aligned. Score: 99
Sequences (12:25) Aligned. Score: 98	Sequences (13:30) Aligned. Score: 97
Sequences (12:26) Aligned. Score: 98	Sequences (13:31) Aligned. Score: 95
Sequences (12:27) Aligned. Score: 98	Sequences (13:32) Aligned. Score: 95
Sequences (12:28) Aligned. Score: 99	Sequences (13:33) Aligned. Score: 97
Sequences (12:29) Aligned. Score: 96	Sequences (13:34) Aligned. Score: 95
Sequences (12:30) Aligned. Score: 97	Sequences (13:35) Aligned. Score: 95
Sequences (12:31) Aligned. Score: 98	Sequences (13:36) Aligned. Score: 95
Sequences (12:32) Aligned. Score: 97	Sequences (13:37) Aligned. Score: 95
Sequences (12:33) Aligned. Score: 99	Sequences (13:38) Aligned. Score: 96
Sequences (12:34) Aligned. Score: 97	Sequences (13:39) Aligned. Score: 96
Sequences (12:35) Aligned. Score: 97	Sequences (13:40) Aligned. Score: 96
Sequences (12:36) Aligned. Score: 98	Sequences (14:15) Aligned. Score: 98
Sequences (12:37) Aligned. Score: 98	Sequences (14:16) Aligned. Score: 94
Sequences (12:38) Aligned. Score: 99	Sequences (14:17) Aligned. Score: 98
Sequences (12:39) Aligned. Score: 98	Sequences (14:18) Aligned. Score: 97
Sequences (12:40) Aligned. Score: 99	Sequences (14:19) Aligned. Score: 97
Sequences (13:14) Aligned. Score: 96	Sequences (14:20) Aligned. Score: 97
Sequences (13:15) Aligned. Score: 97	Sequences (14:21) Aligned. Score: 97
Sequences (13:16) Aligned. Score: 96	Sequences (14:22) Aligned. Score: 98
Sequences (13:17) Aligned. Score: 96	Sequences (14:23) Aligned. Score: 98
Sequences (13:18) Aligned. Score: 98	Sequences (14:24) Aligned. Score: 98
Sequences (13:19) Aligned. Score: 97	Sequences (14:25) Aligned. Score: 99

เอกสารนี้เป็นลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยราชภัฏวไลยอลงกรณ์เพื่อการศึกษาและวิจัยเฉพาะทางวิชาการ

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (14:26) Aligned. Score: 98	Sequences (15:33) Aligned. Score: 98
Sequences (14:27) Aligned. Score: 98	Sequences (15:34) Aligned. Score: 97
Sequences (14:28) Aligned. Score: 98	Sequences (15:35) Aligned. Score: 97
Sequences (14:29) Aligned. Score: 95	Sequences (15:36) Aligned. Score: 97
Sequences (14:30) Aligned. Score: 96	Sequences (15:37) Aligned. Score: 97
Sequences (14:31) Aligned. Score: 97	Sequences (15:38) Aligned. Score: 98
Sequences (14:32) Aligned. Score: 96	Sequences (15:39) Aligned. Score: 98
Sequences (14:33) Aligned. Score: 98	Sequences (15:40) Aligned. Score: 98
Sequences (14:34) Aligned. Score: 97	Sequences (16:17) Aligned. Score: 94
Sequences (14:35) Aligned. Score: 97	Sequences (16:18) Aligned. Score: 96
Sequences (14:36) Aligned. Score: 97	Sequences (16:19) Aligned. Score: 95
Sequences (14:37) Aligned. Score: 97	Sequences (16:20) Aligned. Score: 96
Sequences (14:38) Aligned. Score: 99	Sequences (16:21) Aligned. Score: 96
Sequences (14:39) Aligned. Score: 98	Sequences (16:22) Aligned. Score: 95
Sequences (14:40) Aligned. Score: 98	Sequences (16:23) Aligned. Score: 95
Sequences (15:16) Aligned. Score: 95	Sequences (16:24) Aligned. Score: 95
Sequences (15:17) Aligned. Score: 98	Sequences (16:25) Aligned. Score: 94
Sequences (15:18) Aligned. Score: 97	Sequences (16:26) Aligned. Score: 95
Sequences (15:19) Aligned. Score: 99	Sequences (16:27) Aligned. Score: 94
Sequences (15:20) Aligned. Score: 98	Sequences (16:28) Aligned. Score: 95
Sequences (15:21) Aligned. Score: 98	Sequences (16:29) Aligned. Score: 96
Sequences (15:22) Aligned. Score: 97	Sequences (16:30) Aligned. Score: 96
Sequences (15:23) Aligned. Score: 98	Sequences (16:31) Aligned. Score: 93
Sequences (15:24) Aligned. Score: 99	Sequences (16:32) Aligned. Score: 93
Sequences (15:25) Aligned. Score: 98	Sequences (16:33) Aligned. Score: 94
Sequences (15:26) Aligned. Score: 98	Sequences (16:34) Aligned. Score: 93
Sequences (15:27) Aligned. Score: 97	Sequences (16:35) Aligned. Score: 93
Sequences (15:28) Aligned. Score: 98	Sequences (16:36) Aligned. Score: 93
Sequences (15:29) Aligned. Score: 96	Sequences (16:37) Aligned. Score: 93
Sequences (15:30) Aligned. Score: 97	Sequences (16:38) Aligned. Score: 94
Sequences (15:31) Aligned. Score: 97	Sequences (16:39) Aligned. Score: 94
Sequences (15:32) Aligned. Score: 96	Sequences (16:40) Aligned. Score: 94

เอกสารนี้เป็นทรัพย์สินทางปัญญาของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี เพื่อการศึกษาและวิจัยเท่านั้น การนำเอกสารนี้ไปใช้ในการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (17:18) Aligned. Score: 97	Sequences (18:28) Aligned. Score: 97
Sequences (17:19) Aligned. Score: 98	Sequences (18:29) Aligned. Score: 97
Sequences (17:20) Aligned. Score: 97	Sequences (18:30) Aligned. Score: 97
Sequences (17:21) Aligned. Score: 97	Sequences (18:31) Aligned. Score: 96
Sequences (17:22) Aligned. Score: 97	Sequences (18:32) Aligned. Score: 95
Sequences (17:23) Aligned. Score: 98	Sequences (18:33) Aligned. Score: 98
Sequences (17:24) Aligned. Score: 98	Sequences (18:34) Aligned. Score: 96
Sequences (17:25) Aligned. Score: 98	Sequences (18:35) Aligned. Score: 96
Sequences (17:26) Aligned. Score: 97	Sequences (18:36) Aligned. Score: 96
Sequences (17:27) Aligned. Score: 97	Sequences (18:37) Aligned. Score: 96
Sequences (17:28) Aligned. Score: 98	Sequences (18:38) Aligned. Score: 97
Sequences (17:29) Aligned. Score: 95	Sequences (18:39) Aligned. Score: 97
Sequences (17:30) Aligned. Score: 96	Sequences (18:40) Aligned. Score: 97
Sequences (17:31) Aligned. Score: 97	Sequences (19:20) Aligned. Score: 98
Sequences (17:32) Aligned. Score: 96	Sequences (19:21) Aligned. Score: 98
Sequences (17:33) Aligned. Score: 98	Sequences (19:22) Aligned. Score: 97
Sequences (17:34) Aligned. Score: 97	Sequences (19:23) Aligned. Score: 98
Sequences (17:35) Aligned. Score: 97	Sequences (19:24) Aligned. Score: 99
Sequences (17:36) Aligned. Score: 97	Sequences (19:25) Aligned. Score: 98
Sequences (17:37) Aligned. Score: 97	Sequences (19:26) Aligned. Score: 98
Sequences (17:38) Aligned. Score: 98	Sequences (19:27) Aligned. Score: 97
Sequences (17:39) Aligned. Score: 98	Sequences (19:28) Aligned. Score: 98
Sequences (17:40) Aligned. Score: 98	Sequences (19:29) Aligned. Score: 96
Sequences (18:19) Aligned. Score: 97	Sequences (19:30) Aligned. Score: 97
Sequences (18:20) Aligned. Score: 97	Sequences (19:31) Aligned. Score: 97
Sequences (18:21) Aligned. Score: 99	Sequences (19:32) Aligned. Score: 96
Sequences (18:22) Aligned. Score: 96	Sequences (19:33) Aligned. Score: 98
Sequences (18:23) Aligned. Score: 98	Sequences (19:34) Aligned. Score: 96
Sequences (18:24) Aligned. Score: 97	Sequences (19:35) Aligned. Score: 96
Sequences (18:25) Aligned. Score: 97	Sequences (19:36) Aligned. Score: 96
Sequences (18:26) Aligned. Score: 97	Sequences (19:37) Aligned. Score: 97
Sequences (18:27) Aligned. Score: 97	Sequences (19:38) Aligned. Score: 98

เอกสารนี้เป็นทรัพย์สินทางปัญญาของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี เพื่อการศึกษาใช้ภายในเท่านั้น ไม่สามารถนำออกจำหน่าย การค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (19:39) Aligned. Score: 98	Sequences (21:32) Aligned. Score: 96
Sequences (19:40) Aligned. Score: 98	Sequences (21:33) Aligned. Score: 97
Sequences (20:21) Aligned. Score: 97	Sequences (21:34) Aligned. Score: 96
Sequences (20:22) Aligned. Score: 98	Sequences (21:35) Aligned. Score: 96
Sequences (20:23) Aligned. Score: 98	Sequences (21:36) Aligned. Score: 96
Sequences (20:24) Aligned. Score: 98	Sequences (21:37) Aligned. Score: 96
Sequences (20:25) Aligned. Score: 97	Sequences (21:38) Aligned. Score: 98
Sequences (20:26) Aligned. Score: 98	Sequences (21:39) Aligned. Score: 98
Sequences (20:27) Aligned. Score: 97	Sequences (21:40) Aligned. Score: 97
Sequences (20:28) Aligned. Score: 98	Sequences (22:23) Aligned. Score: 97
Sequences (20:29) Aligned. Score: 96	Sequences (22:24) Aligned. Score: 98
Sequences (20:30) Aligned. Score: 97	Sequences (22:25) Aligned. Score: 98
Sequences (20:31) Aligned. Score: 96	Sequences (22:26) Aligned. Score: 98
Sequences (20:32) Aligned. Score: 96	Sequences (22:27) Aligned. Score: 98
Sequences (20:33) Aligned. Score: 98	Sequences (22:28) Aligned. Score: 99
Sequences (20:34) Aligned. Score: 97	Sequences (22:29) Aligned. Score: 95
Sequences (20:35) Aligned. Score: 97	Sequences (22:30) Aligned. Score: 97
Sequences (20:36) Aligned. Score: 97	Sequences (22:31) Aligned. Score: 97
Sequences (20:37) Aligned. Score: 97	Sequences (22:32) Aligned. Score: 97
Sequences (20:38) Aligned. Score: 98	Sequences (22:33) Aligned. Score: 99
Sequences (20:39) Aligned. Score: 98	Sequences (22:34) Aligned. Score: 97
Sequences (20:40) Aligned. Score: 98	Sequences (22:35) Aligned. Score: 97
Sequences (21:22) Aligned. Score: 97	Sequences (22:36) Aligned. Score: 97
Sequences (21:23) Aligned. Score: 98	Sequences (22:37) Aligned. Score: 97
Sequences (21:24) Aligned. Score: 98	Sequences (22:38) Aligned. Score: 99
Sequences (21:25) Aligned. Score: 98	Sequences (22:39) Aligned. Score: 99
Sequences (21:26) Aligned. Score: 98	Sequences (22:40) Aligned. Score: 98
Sequences (21:27) Aligned. Score: 97	Sequences (23:24) Aligned. Score: 98
Sequences (21:28) Aligned. Score: 97	Sequences (23:25) Aligned. Score: 98
Sequences (21:29) Aligned. Score: 97	Sequences (23:26) Aligned. Score: 98
Sequences (21:30) Aligned. Score: 98	Sequences (23:27) Aligned. Score: 97
Sequences (21:31) Aligned. Score: 96	Sequences (23:28) Aligned. Score: 98

เอกสารนี้เป็นลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยราชภัฏวไลยอลงกรณ์เพื่อการศึกษาและวิจัยในพระตำหนักสมเด็จพระนางเจ้าสิริกิติ์ พระบรมราชินีนาถ พระบรมราชชนนีพันปีหลวง

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (23:29) Aligned. Score: 96	Sequences (25:30) Aligned. Score: 96
Sequences (23:30) Aligned. Score: 96	Sequences (25:31) Aligned. Score: 97
Sequences (23:31) Aligned. Score: 96	Sequences (25:32) Aligned. Score: 97
Sequences (23:32) Aligned. Score: 95	Sequences (25:33) Aligned. Score: 99
Sequences (23:33) Aligned. Score: 98	Sequences (25:34) Aligned. Score: 97
Sequences (23:34) Aligned. Score: 97	Sequences (25:35) Aligned. Score: 97
Sequences (23:35) Aligned. Score: 96	Sequences (25:36) Aligned. Score: 97
Sequences (23:36) Aligned. Score: 97	Sequences (25:37) Aligned. Score: 97
Sequences (23:37) Aligned. Score: 97	Sequences (25:38) Aligned. Score: 99
Sequences (23:38) Aligned. Score: 98	Sequences (25:39) Aligned. Score: 99
Sequences (23:39) Aligned. Score: 98	Sequences (25:40) Aligned. Score: 99
Sequences (23:40) Aligned. Score: 98	Sequences (26:27) Aligned. Score: 98
Sequences (24:25) Aligned. Score: 98	Sequences (26:28) Aligned. Score: 98
Sequences (24:26) Aligned. Score: 98	Sequences (26:29) Aligned. Score: 96
Sequences (24:27) Aligned. Score: 97	Sequences (26:30) Aligned. Score: 96
Sequences (24:28) Aligned. Score: 98	Sequences (26:31) Aligned. Score: 96
Sequences (24:29) Aligned. Score: 96	Sequences (26:32) Aligned. Score: 96
Sequences (24:30) Aligned. Score: 97	Sequences (26:33) Aligned. Score: 99
Sequences (24:31) Aligned. Score: 97	Sequences (26:34) Aligned. Score: 97
Sequences (24:32) Aligned. Score: 97	Sequences (26:35) Aligned. Score: 97
Sequences (24:33) Aligned. Score: 98	Sequences (26:36) Aligned. Score: 98
Sequences (24:34) Aligned. Score: 97	Sequences (26:37) Aligned. Score: 98
Sequences (24:35) Aligned. Score: 97	Sequences (26:38) Aligned. Score: 99
Sequences (24:36) Aligned. Score: 97	Sequences (26:39) Aligned. Score: 98
Sequences (24:37) Aligned. Score: 97	Sequences (26:40) Aligned. Score: 99
Sequences (24:38) Aligned. Score: 98	Sequences (27:28) Aligned. Score: 98
Sequences (24:39) Aligned. Score: 98	Sequences (27:29) Aligned. Score: 95
Sequences (24:40) Aligned. Score: 98	Sequences (27:30) Aligned. Score: 96
Sequences (25:26) Aligned. Score: 98	Sequences (27:31) Aligned. Score: 97
Sequences (25:27) Aligned. Score: 98	Sequences (27:32) Aligned. Score: 97
Sequences (25:28) Aligned. Score: 99	Sequences (27:33) Aligned. Score: 99
Sequences (25:29) Aligned. Score: 95	Sequences (27:34) Aligned. Score: 97

เอกสารนี้เป็นลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยราชภัฏวไลยอลงกรณ์เพื่อการศึกษาและเผยแพร่งานวิจัย การนำเอกสารนี้ไปใช้โดยไม่ขออนุญาตทางวิชาการถือว่าผิดกฎหมาย

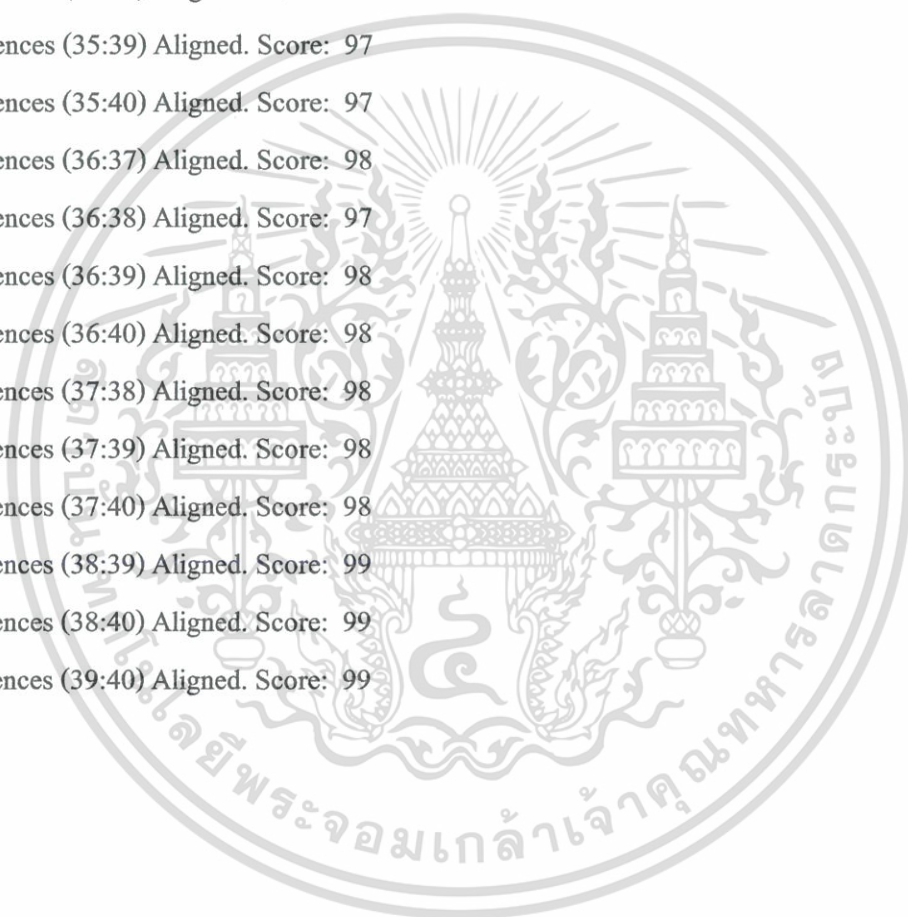
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (27:35) Aligned. Score: 97	Sequences (30:34) Aligned. Score: 95
Sequences (27:36) Aligned. Score: 97	Sequences (30:35) Aligned. Score: 95
Sequences (27:37) Aligned. Score: 97	Sequences (30:36) Aligned. Score: 96
Sequences (27:38) Aligned. Score: 99	Sequences (30:37) Aligned. Score: 95
Sequences (27:39) Aligned. Score: 99	Sequences (30:38) Aligned. Score: 97
Sequences (27:40) Aligned. Score: 99	Sequences (30:39) Aligned. Score: 97
Sequences (28:29) Aligned. Score: 96	Sequences (30:40) Aligned. Score: 97
Sequences (28:30) Aligned. Score: 97	Sequences (31:32) Aligned. Score: 99
Sequences (28:31) Aligned. Score: 98	Sequences (31:33) Aligned. Score: 98
Sequences (28:32) Aligned. Score: 98	Sequences (31:34) Aligned. Score: 99
Sequences (28:33) Aligned. Score: 99	Sequences (31:35) Aligned. Score: 99
Sequences (28:34) Aligned. Score: 98	Sequences (31:36) Aligned. Score: 99
Sequences (28:35) Aligned. Score: 97	Sequences (31:37) Aligned. Score: 98
Sequences (28:36) Aligned. Score: 98	Sequences (31:38) Aligned. Score: 97
Sequences (28:37) Aligned. Score: 98	Sequences (31:39) Aligned. Score: 98
Sequences (28:38) Aligned. Score: 99	Sequences (31:40) Aligned. Score: 98
Sequences (28:39) Aligned. Score: 99	Sequences (32:33) Aligned. Score: 98
Sequences (28:40) Aligned. Score: 99	Sequences (32:34) Aligned. Score: 99
Sequences (29:30) Aligned. Score: 97	Sequences (32:35) Aligned. Score: 99
Sequences (29:31) Aligned. Score: 95	Sequences (32:36) Aligned. Score: 99
Sequences (29:32) Aligned. Score: 95	Sequences (32:37) Aligned. Score: 98
Sequences (29:33) Aligned. Score: 97	Sequences (32:38) Aligned. Score: 97
Sequences (29:34) Aligned. Score: 96	Sequences (32:39) Aligned. Score: 98
Sequences (29:35) Aligned. Score: 96	Sequences (32:40) Aligned. Score: 98
Sequences (29:36) Aligned. Score: 96	Sequences (33:34) Aligned. Score: 83
Sequences (29:37) Aligned. Score: 96	Sequences (33:35) Aligned. Score: 83
Sequences (29:38) Aligned. Score: 97	Sequences (33:36) Aligned. Score: 83
Sequences (29:39) Aligned. Score: 97	Sequences (33:37) Aligned. Score: 83
Sequences (29:40) Aligned. Score: 97	Sequences (33:38) Aligned. Score: 85
Sequences (30:31) Aligned. Score: 96	Sequences (33:39) Aligned. Score: 95
Sequences (30:32) Aligned. Score: 96	Sequences (33:40) Aligned. Score: 84
Sequences (30:33) Aligned. Score: 96	Sequences (34:35) Aligned. Score: 99

เอกสารนี้เป็นลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยราชภัฏวไลยอลงกรณ์เพื่อการศึกษาและเผยแพร่งานวิจัย การนำเอกสารนี้ไปใช้โดยไม่ขออนุญาตจากศูนย์วิจัยและพัฒนาการเรียนการสอนเป็นการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Sequences (34:36) Aligned. Score: 99
Sequences (34:37) Aligned. Score: 98
Sequences (34:38) Aligned. Score: 97
Sequences (34:39) Aligned. Score: 98
Sequences (34:40) Aligned. Score: 97
Sequences (35:36) Aligned. Score: 99
Sequences (35:37) Aligned. Score: 97
Sequences (35:38) Aligned. Score: 97
Sequences (35:39) Aligned. Score: 97
Sequences (35:40) Aligned. Score: 97
Sequences (36:37) Aligned. Score: 98
Sequences (36:38) Aligned. Score: 97
Sequences (36:39) Aligned. Score: 98
Sequences (36:40) Aligned. Score: 98
Sequences (37:38) Aligned. Score: 98
Sequences (37:39) Aligned. Score: 98
Sequences (37:40) Aligned. Score: 98
Sequences (38:39) Aligned. Score: 99
Sequences (38:40) Aligned. Score: 99
Sequences (39:40) Aligned. Score: 99



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ - นามสกุล	นายพรชัย คำสีสุข
วัน เดือน ปี เกิด	30 กันยายน 2535
ที่อยู่	199 หมู่ 4 ตำบลคลองขี้ล้อม อำเภอกันตัง จังหวัดตรัง
ประวัติการศึกษา	2557 สำเร็จการศึกษาระดับปริญญาตรี วิทยาศาสตรบัณฑิต ภาควิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ สาขาวิชาสัตวศาสตร์ (เกียรตินิยมอันดับหนึ่ง ลำดับที่ 1) คณะเทคโนโลยีการเกษตร สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

ผลงานวิจัย

พรชัย คำสีสุข และรัฐพันธ์ จอกจ่อหอ 2557. การตรวจหาเชื้อ *Babesia bigemina* ในเลือดกระบือในเขตพื้นที่ชายแดนด้านตะวันออกระหว่างประเทศไทย-กัมพูชา โดยเทคนิคเนสเททท์พีซีอาร์ ปัญหาพิเศษ. สาขาสัตวศาสตร์, คณะเทคโนโลยีการเกษตร, สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง, กรุงเทพมหานคร. 41 น.